

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITE DE COOPÉRATION
EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)(19) Organisation Mondiale de la Propriété
Intellectuelle
Bureau international(43) Date de la publication internationale
26 septembre 2002 (26.09.2002)

PCT

(10) Numéro de publication internationale
WO 02/074943 A2(51) Classification internationale des brevets⁷ : C12N 9/10(71) Déposant (pour tous les États désignés sauf US) :
CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE [FR/FR]; 3, rue Michel-Ange, F-75794 Paris (FR).

(21) Numéro de la demande internationale :

PCT/FR02/00951

(22) Date de dépôt international : 18 mars 2002 (18.03.2002)

(72) Inventeurs; et

(25) Langue de dépôt : français

(75) Inventeurs/Déposants (pour US seulement) : BOZONNET, Sophie, Anne, Michèle [FR/FR]; 16, rue de la Gravette, F-31150 Gagnac-Sur-Garonne (FR). RE-MAUD-SIMEON, Magali, Martine, Claude [FR/FR]; 1, rue Benjamin Charrier, F-31520 Ramonville-Saint-Agne (FR). WILLEMOT, René-Marc, Lucien [FR/FR]; 3, Résidence Casteltrompette, F-631450 Pomportuzat (FR). MONSAN, Pierre, Emmanuel, Frédéric [FR/FR]; 22, Chemin de la Gravette, F-31700 Mondonville (FR).

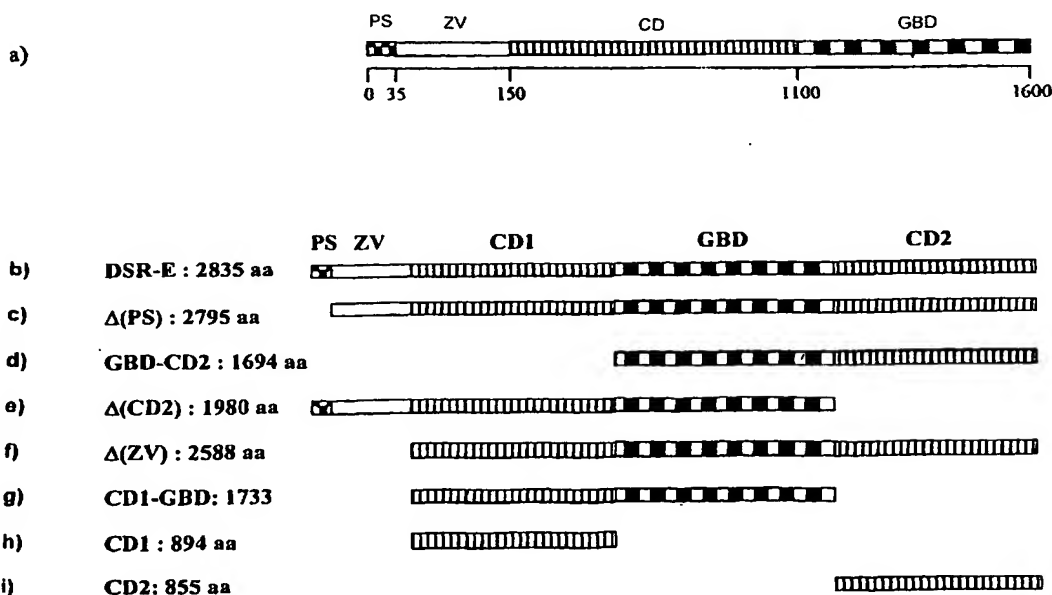
(26) Langue de publication : français

(30) Données relatives à la priorité :

01/03631 16 mars 2001 (16.03.2001) FR
01/16495 19 décembre 2001 (19.12.2001) FR

[Suite sur la page suivante]

(54) Title: NUCLEIC ACID MOLECULES CODING FOR A DEXTRAN-SACCHARASE CATALYSING THE SYNTHESIS OF DEXTRAN WITH ALPHA 1,2-OSIDIC SIDECHAINS

(54) Titre : MOLECULES D'ACIDES NUCEIQUES CODANT UNE DEXTRANE-SACCHARASE CATALYSANT LA SYN-
THESE DE DEXTRANE PORTANT DES RAMIFICATIONS DE TYPE ALPHA-1,2 OSIDIQUES

(57) Abstract: The invention relates to an isolated polypeptide with an glycosyl transferase enzymatic activity for producing dextrans with α(1→2) sidechains, comprising at least one region for bonding to glucan and a catalytically active region situated beyond the region bonding to glucan. The invention further relates to polynucleotides coding for said enzymes and vectors containing the same.

[Suite sur la page suivante]



(74) Mandataires : ERNEST GUTMANN-YVES
PLASSERAUD S.A. etc.; 3, rue Chauveau-Lagarde,
F-75008 Paris (FR).

(81) États désignés (national) : AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ,
BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ,
DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM,
HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK,
LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX,
MZ, NO, NZ, OM, PH, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI,
SK, SL, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN,
YU, ZA, ZM, ZW.

(84) États désignés (régional) : brevet ARIPO (GH, GM, KE,
LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), brevet

eurasien (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), brevet
européen (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR,
IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, TR), brevet OAPI (BF, BJ,
CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN,
TD, TG).

Publiée :

— sans rapport de recherche internationale, sera republiée
dès réception de ce rapport

En ce qui concerne les codes à deux lettres et autres abrévia-
tions, se référer aux "Notes explicatives relatives aux codes et
abréviations" figurant au début de chaque numéro ordinaire de
la Gazette du PCT.

(57) Abrégé : La présente invention porte un polypeptide isolé une activité enzymatique de glycosyltransférase apte à former dex-
tranes présentant des ramifications $\alpha(1 \rightarrow 2)$ comprenant au moins un domaine de liaison au glucane et un domaine à activité cata-
lytique situé en aval du domaine de liaison au glucane. Elle porte également sur des polynucléotides codant lesdits enzymes et les
vecteurs les contenant.

**MOLECULES D'ACIDES NUCLEIQUES CODANT UNE DEXTRANE-
SACCHARASE CATALYSANT LA SYNTHÈSE DE DEXTRANE
PORTANT DES RAMIFICATIONS DE TYPE ALPHA-1,2 OSIDIQUES**

5

La présente invention relève du domaine de la glycotecnologie et plus particulièrement de la synthèse d'oligosaccharides ou oligosides à effet prébiotique, thérapeutique ou diagnostique.

10 La présente invention porte sur des molécules d'acides nucléiques codant une enzyme ayant une activité de glycosyltransférase catalysant la synthèse de dextranses ou d'oligosides portant des ramifications de type $\alpha(1 \rightarrow 2)$ osidiques.

15 L'invention porte en outre sur les enzymes synthétisées par les acides nucléiques selon l'invention, ainsi que sur leurs systèmes d'expression dans des cellules procaryotes ou eucaryotes. Elles portent enfin sur l'utilisation desdites enzymes dans la production d'oligosaccharides dans l'alimentation, ou en tant que principe actif de produits thérapeutiques et/ou cosmétiques.

20 Les oligosides et hétérooligosides jouent le rôle de signaux de reconnaissance et d'effecteur chez l'animal comme dans les plantes (on parle alors d'oligosaccharines), en se liant spécifiquement à des lectines, des glycosyltransférases, des glycosidases, des molécules d'adhésion, etc... Ainsi, les déterminants antigéniques des groupes sanguins sont des osides, et notre défense contre nombre de bactéries pathogènes est dirigée
25 contre les structures osidiques de l'enveloppe bactérienne. Par ailleurs, l'une des raisons majeures du rejet des xénogreffes est l'existence de structures osidiques propres à chaque espèce. Ces propriétés, ainsi que les connaissances acquises ces dernières années sur les glycosyltransférases et les lectines, contribuent à faire de certains
30 oligosides des candidats de choix pour la thérapeutique ou la prophylaxie des désordres liés à l'équilibre microbiologique de différents organes tels

l'intestin, ou la peau. Par exemple, les oligosides constituent une alternative intéressante à l'utilisation de microorganismes et d'antibiotiques pour réguler la composition de la flore intestinale (effet prébiotique). Certains oligosides peuvent être considérés comme des "fibres solubles" lorsqu'ils ne sont pas métabolisés par les enzymes digestives humaines et animales ; en gagnant le côlon, ils interagissent avec la flore microbienne et affectent spécifiquement la croissance et l'adhésion de certaines espèces. Incorporées à faible dose (moins de 1 %) dans l'alimentation, certaines de ces molécules osidiques améliorent l'état de santé et stimulent la prise de poids des animaux.

Une revue des différentes glycosyltransférases, leur structure et leur activité, est décrite dans Vincent Monchois *et al.* (1). Brièvement :

a) Il apparaît que la structure des glycosyltransférases et/ou dextrane-saccharases étudiées est très conservée et est constituée, partant de la partie aminée de la protéine, d'une séquence signal, d'un domaine variable, d'un domaine catalytique et d'un domaine de liaison au glucane.

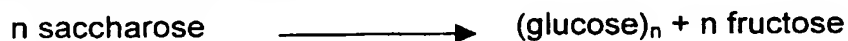
b) Les glucooligosides (GOS) sont synthétisables par des glycosyltransférases telles les dextrane-saccharases, à partir de substrats peu coûteux tel le saccharose et en présence d'un sucre accepteur de glucose. D'autres substrats, tels l' α -D-fluoro-glucose, le paranitrophényl- α -D-glucopyranoside, l' α -D-glucopyranoside- α -D-sorbofuranoside ou le 4-O- α -D-galactopyranosylsucrose peuvent également être utilisés.

Ces enzymes catalysent à partir du substrat le transfert d'unités glucose sur des molécules acceptrices. En présence d'un accepteur de glucose tel le maltose, ou l'isomaltose, les glycosyltransférases catalysent la synthèse d'oligosaccharides de bas poids moléculaire comprenant majoritairement des chaînes de 3 à 7 glucoses, selon la réaction :

saccharose + accepteur \longrightarrow accepteur glucosylé + fructose

En pareil cas, les enzymes présentent généralement une spécificité de synthèse de liaisons osidiques conformes à celle formant le polymère donneur.

En revanche, en absence d'accepteur, l'enzyme synthétise des glucanes de haut poids moléculaire de type dextrane par transferts successifs d'unités α -D-glucopyranosyles à partir de saccharose, conformément à la réaction :



c) Les structures et la fonction des glucanes ou des oligosides synthétisés par les glycosyltransférases dépendent de la souche bactérienne productrice.

Dans l'ensemble de ce texte, on appellera de façon générique des glycosyltransférases les différentes enzymes capables de catalyser la synthèse de polymères de glucose à partir de saccharose. Elles sont généralement produites par des souches bactériennes de type *Leuconostoc*, *Lactococcus*, *Streptococcus* ou *Neisseria*. La taille et la structure des glucanes produits dépendent de la souche productrice.

Les unités de glucose sont couplées par des liaisons osidiques $\alpha(1 \rightarrow 6)$ comme dans le dextrane, par des liaisons $\alpha(1 \rightarrow 3)$, comme dans le cas du mutane, ou par une alternance des deux types (alternane).

De la même façon, l'existence et la nature des ramifications, leur longueur et leur position varient selon l'origine de la souche productrice.

Les glycosyltransférases produisant des glucanes ou des GOS contenant au moins 50 % de liaison $\alpha(1 \rightarrow 6)$ sont appelées dextrane-saccharases. Les GOS synthétisés par ces enzymes portent, le cas échéant, des ramifications $\alpha(1 \rightarrow 2)$, $\alpha(1 \rightarrow 3)$ et/ou $\alpha(1 \rightarrow 4)$. Lesdites dextrane-saccharases sont produites notamment par des bactéries de type *Leuconostoc mesenteroides*.

d) La dextrane-saccharase de *L. mesenteroides* NRRL B-1299 a la particularité de produire, quant à elle, un dextrane hautement ramifié dont la majorité des ramifications sont de type $\alpha(1\rightarrow2)$. Utilisée en présence de saccharose et de maltose, molécule acceptrice de glucose, elle conduit à la formation de GOS présentant pour certains une liaison $\alpha(1\rightarrow2)$ à leur extrémité non réductrice et pour d'autres des ramifications $\alpha(1\rightarrow2)$ sur les résidus intermédiaires entre les extrémités. A ce titre, ils résistent à la dégradation par les enzymes (hydrolases) du tractus digestif supérieur, chez l'homme et l'animal, et ne sont dégradés que par des genres bactériens capables de fermenter tels *Bacteroides* et *Bifidobacterium*, considérés comme bénéfiques pour l'organisme de l'hôte.

Un phénomène identique se produit au niveau de la peau, permettant d'envisager des applications en cosmétologie, car c'est le déséquilibre de la flore microbienne cutanée qui est à l'origine de nombreux problèmes cosmétiques et dermatologiques. C'est en raison de ces caractéristiques qu'ils sont désignés ici par le terme GOS d'intérêt.

Dans l'ensemble du texte, les polysaccharides synthétisés par les glycosyltransférases selon l'invention sont soit des dextranes de haut poids moléculaire lorsque la réaction est réalisée sans accepteur de glucose, soit des oligosides lorsque la réaction est réalisée en présence d'accepteur de glucose tel le maltose ou l'isomaltose sans que cela soit nécessairement spécifié. En effet, la fonctionnalité de l'enzyme est caractérisée par la nature des liaisons glucose-glucose [$\alpha(1\rightarrow6)$, $\alpha(1\rightarrow2)$] ou autres et non par le poids moléculaire du polysaccharide synthétisé.

Les dextrane-saccharases de *L. mesenteroides* trouvent déjà de nombreuses applications dans l'industrie, et en particulier celles de la souche NRRL B-1299 pour lesquelles un procédé de synthèse des GOS présentant des ramifications $\alpha(1\rightarrow2)$ a été décrit dans le brevet EP 0325 872 B1.

Marguerite Dols *et al.* (2) ont montré que les GOS produits par les dextrane-saccharases de cette souche sont en fait un mélange d'au

moins trois familles de molécules similaires différant de fait par le nombre et le positionnement des ramifications de type $\alpha(1\rightarrow2)$, ce qui amène l'hypothèse de l'existence de différentes activités enzymatiques de type glycosyltransférase dans cette souche bactérienne.

Compte tenu de l'intérêt industriel dans le domaine des aliments prébiotiques, en cosmétologie ou en pharmacie des GOS présentant des ramifications $\alpha(1\rightarrow2)$ et rappelé ci-dessus, la présente invention vise à isoler et caractériser une enzyme particulière parmi celles produites par *L. mesenteroides* NRRL B-1299 qui serait plus particulièrement impliquée dans la synthèse d'oligosides présentant les ramifications $\alpha(1\rightarrow2)$. L'identification et la caractérisation d'une telle enzyme offrent l'avantage, d'une part, de fournir un procédé de production uniforme et reproductible des GOS d'intérêt et, d'autre part, d'identifier les caractéristiques essentielles de l'enzyme productrice de ces GOS d'intérêt, afin, le cas échéant, d'améliorer les performances des produits de la réaction enzymatique en fonction de l'utilisation envisagée.

Le problème technique sous-tendu dans la présente invention était ainsi de pouvoir disposer d'une enzyme et donc des acides nucléiques isolés codant cette enzyme permettant la production améliorée de GOS à ramifications $\alpha(1\rightarrow2)$.

La présente invention apporte une solution technique aux différentes questions évoquées ci-avant en fournissant une nouvelle dextrane-saccharase, appelée DSR-E codée par un gène doté d'une structure nouvelle et inattendue (*dsrE*) et capable de catalyser la synthèse des glucanes ou des oligosaccharides contenant des ramifications $\alpha(1\rightarrow2)$.

Entre la date de dépôt de la demande de brevet français N°0103631, dont la priorité est revendiquée et dans laquelle la dextrane-saccharase objet de l'invention était appelée DSR-D, et celle de la présente demande, une autre dextrane-saccharase, différente de l'enzyme objet de l'invention, a été décrite et également nommée DSR-D. C'est pourquoi, dans le cadre de la présente demande de brevet, la dextrane-saccharase

décrite, revendiquée et représentée à la figure 1b) est dénommée non plus DSR-D comme dans le document de priorité, mais DSR-E. De fait, les dextrane-saccharases DSR-D selon ledit document de priorité et DSR-E sont en tout point identiques.

5 Par structure nouvelle et inattendue, on entend le fait que l'organisation de la protéine diffère de celle de toutes les autres glycosyltransférases décrites à ce jour (1) et dont le domaine catalytique est situé en amont d'un domaine de liaison au glucane, ce dernier constituant la partie carboxylique de la protéine.

10 Ainsi, la présente invention porte sur un polypeptide isolé ayant une activité enzymatique de glycosyltransférase apte à former des dextranes présentant des ramifications $\alpha(1\rightarrow2)$, caractérisé en ce qu'il comprend au moins un domaine de liaison au glucane et un domaine à activité catalytique situé en aval du domaine de liaison au glucane. Par
15 situé en aval, on entend le fait que la partie aminée de la séquence à activité catalytique ou domaine catalytique est proximale de la partie carboxylique du domaine de liaison au glucane. Ces deux domaines peuvent être immédiatement contigus ou au contraire séparés par une région variable.

20 La glycosyltransférase selon l'invention comporte de préférence un peptide signal.

Dans un mode de réalisation de l'invention, la glycosyltransférase comprend deux domaines catalytiques situés de part et d'autre du domaine de liaison au glucane.

25 La présence d'un domaine à activité catalytique dans la partie carboxylique de l'enzyme est une caractéristique essentielle de cette dernière dans sa capacité à former des liaisons $\alpha(1\rightarrow2)$ osidiques. En effet, comme le montrent les expériences décrites ci-après, la délétion de ce domaine dans une enzyme ayant au moins deux domaines catalytiques
30 conduit à la production de glucanes ou d'oligosides ayant essentiellement

des liaisons osidiques de type $\alpha(1\rightarrow6)$ et dépourvus de liaisons de type $\alpha(1\rightarrow2)$.

Plus précisément, le domaine catalytique, dès lors qu'il est situé en aval d'un domaine de liaison au glucane, permet la synthèse d'oligosides contenant des liaisons $\alpha(1\rightarrow2)$.

En outre, les expériences décrites ci-après démontrent que la spécificité de fonction de la dextrane-saccharase DSR-E, à savoir sa capacité à catalyser la formation de liaisons osidiques $\alpha(1\rightarrow2)$ est imputable, non pas à la présence concomitante de deux domaines catalytiques, mais plutôt à l'enchaînement d'un domaine de liaison au glucane et d'un domaine catalytique, et plus particulièrement du domaine catalytique CD2.

L'analyse comparative des différentes glycosyltransférases incluant les dextrane-saccharases a mis en évidence un très fort degré de conservation de leur domaine catalytique.

Le domaine catalytique situé dans la partie carboxy-terminale de la glycosyltransférase selon l'invention a une séquence présentant au moins 44 % d'identité et 55 % de similarité avec les domaines catalytiques des autres glycosyltransférases analysées. En particulier, le domaine catalytique dans la partie carboxylique de la glycosyltransférase selon l'invention a au moins 65 % d'identité et au moins 80 % de similarité avec la séquence ID No. 1, la triade catalytique Asp/Glu/Asp en positions respectives 230/268/342 étant conservée.

Dans l'ensemble du texte, on entend par X% de similarité par rapport à une séquence de référence le fait que X % des acides aminés sont identiques ou modifiés par substitution conservative telle que définie dans le logiciel d'alignement des séquences d'acides aminés ClustalW (<http://bioweb.pasteur.fr/docs/doc-gensoft/clustalw/>) et que (100-X) % peuvent être délétés, substitués par d'autres amino-acides, ou encore que (100-X) % peuvent être ajoutés à la séquence de référence. Une structure primaire particulière de l'enzyme selon l'invention est représentée dans la

séquence ID No. 2 qui représente une séquence de 2835 acides aminés d'une dextrane-saccharase de *L. mesenteroides* NRRL B-1299.

Cette dextrane-saccharase, nommée DSR-E, possède comme la plupart des glycosyltransférases et des dextrane-saccharases une séquence signal, une région variable faiblement conservée, un domaine catalytique hautement conservé (CD1), un domaine de liaison au glucane-(GBD) et un deuxième domaine catalytique (CD2) dans la partie carboxylique de la protéine. DSR-E est la première glycosyltransférase analysée et présentant deux domaines catalytiques, dans la configuration présentée dans la figure 1 b). C'est également la première glycosyltransférase dont un domaine catalytique est situé dans la partie carboxylique de la protéine.

La figure 1b) fait apparaître également que le domaine de liaison au glucane est sensiblement plus long que celui décrit précédemment pour les dextranes saccharases connues ; ainsi, une autre caractéristique des enzymes selon l'invention est la taille de ce domaine qui est supérieur à 500 amino-acides.

La comparaison et l'analyse de la séquence de DSR-E avec les séquences des glycosyltransférases ou des dextrane-saccharases déjà décrites (1), ainsi que les moyens utilisés à cette fin sont indiqués dans l'exemple 2 détaillé ci-après. Il y apparaît clairement que si l'existence de deux domaines catalytiques différencie substantiellement DSR-E des autres enzymes, en revanche les séquences desdits domaines sont substantiellement conservées. En particulier, les acides aminés nécessaires à l'activité catalytique sont conservés dans le deuxième domaine catalytique, à savoir la triade Asp/Glu/Asp située aux positions respectives 2210/2248/2322 de la séquence ID No. 2.

Ainsi, l'invention porte également sur tout polypeptide isolé ayant une activité catalytique de glycosyltransférase apte à former des dextranes ou des oligosaccharides ayant des ramifications $\alpha(1\rightarrow2)$ tel qu'obtenu par modification, substitution, insertion ou délétion de séquences

d'acides-amino mais comportant des séquences présentant au moins 80 % et de préférence au moins 90 % de similarité avec les séquences suivantes de la séquence ID No. 2 :

423 – 439	2120 - 2138
478 – 501	2161 – 2184
519 – 539	2202 – 2214
560 – 571	2243 – 2250
631 – 645	2315 – 2322
1014 – 1021	2689 – 2696

De façon préférée, enfin, un polypeptide à activité catalytique selon l'invention contient les acides aminés suivants :

W en positions 425 et 2122,

E en positions 430, 565 et 2127, 2248,

D en positions 487, 489, 527, 638, 2170, 2172, 2210 et 2322,

H en position 637 et 2321,

Q en position 1019 et 2694.

Les polypeptides à activité de glycosyltransférases aptes à former des liaisons osidiques $\alpha(1 \rightarrow 2)$ peuvent se présenter sous forme isolée, ou au contraire intégrés dans une protéine plus large, comme par exemple une protéine de fusion. Il peut être en effet avantageux d'inclure des séquences présentant une autre fonction, comme par exemple une séquence étiquette spécifique d'un ligand permettant d'en faciliter la purification. Ces séquences étiquettes peuvent être du type GST (glutathion-S-Transférase), Intéine - CBD (Chitine-Binding Domaine), (commercialisé par New England Biolabs, <http://www.neb.com>), MBD (Maltose Binding Domain), polypeptides contenant des résidus histidine contigus permettant de faciliter la purification du polypeptide avec lequel il est fusionné. L'homme du métier peut concevoir toute autre protéine de fusion permettant d'associer la fonction de la DSR-E de l'invention avec

une autre fonction, comme par exemple, et sans être limitatif, une séquence augmentant la stabilité de l'enzyme produite par expression dans un hôte recombinant ou une séquence apte à augmenter la spécificité ou l'efficacité d'action de cette enzyme, ou une séquence visant à associer une autre activité enzymatique connexe.

De telles protéines de fusion font également partie de l'invention dès lors qu'elles contiennent le domaine CD2 et le site de liaison au glucane. De la même façon, les fragments de la séquence ID No. 2, comprenant au moins la séquence ID No. 1 et le domaine de liaison au glucane, seuls ou intégrés dans une séquence polypeptidique plus large font partie de l'invention, à partir du moment où l'activité enzymatique de dextrane-saccharase est conservée.

Les variants des séquences polypeptidiques définies ci-dessus font également partie de l'invention. Outre les polypeptides obtenus par substitution conservative des acides aminés telle que définie plus haut, les variants incluent des polypeptides dont l'activité enzymatique est améliorée par exemple par mutagenèse dirigée ou aléatoire, par évolution moléculaire, ou par duplication du domaine catalytique CD2.

La structure particulière de cette enzyme identifiée dans la présente invention résulte d'un processus comprenant :

a) l'identification et l'isolement de la dextrane-saccharase de *L. mesenteroides* catalysant la production des GOS d'intérêt portant les ramifications $\alpha(1\rightarrow2)$;

b) le séquençage de fragments de l'enzyme ;

c) la synthèse d'amorces d'amplification aptes à amplifier le gène correspondant de la souche productrice ou des fragments de ceux-ci ;

d) le séquençage des fragments amplifiés ;

e) le clonage dans des vecteurs spécifiques et leur expression dans des hôtes appropriés.

Les modalités du procédé mis en œuvre sont détaillées dans la partie expérimentale ci-après. La première étape consiste en une

séparation des protéines par électrophorèse en gel de polyacrylamide, et identification des bandes présentant l'activité de dextrane saccharase par une réaction enzymatique *in situ* en présence de substrat et d'accepteur. La nature des GOS synthétisés est ensuite identifiée sur chaque bande par analyse HPLC selon les méthodes décrites dans (1). Le temps de rétention des oligosides en HPLC dépend de la nature et de l'organisation de leurs liaisons osidiques. Il est possible en particulier de distinguer ceux constitués de résidus liés en $\alpha(1\rightarrow6)$, en $\alpha(1\rightarrow6)$ avec une ramification $\alpha(1\rightarrow2)$ à l'extrémité non réductrice de la molécule, et ceux recherchés composés d'une chaîne linéaire $\alpha(1\rightarrow6)$ avec des ramifications $\alpha(1\rightarrow2)$.

Les inventeurs ont donc isolé et identifié la dextrane-saccharase de *L. mesenteroides* NRRL B-1299 productrice des GOS d'intérêt.

Un procédé d'ingénierie reverse mis en oeuvre dans les étapes b) à e) ci-dessus a permis ensuite de fournir la séquence nucléotidique codant l'enzyme et permettant de la produire en quantité industrielle et le cas échéant de la modifier, d'en améliorer ses performances par les techniques à la disposition de l'homme du métier. A titre d'exemple, on peut citer la mutagénèse dirigée ou aléatoire, ou l'évolution moléculaire (DNA shuffling) (3).

Un autre aspect de l'invention porte sur une molécule d'acide nucléique isolée codant une enzyme à activité glycosyltransférase apte à former des dextranes ou des oligosides présentant des ramifications $\alpha(1\rightarrow2)$ et comprenant au moins une séquence codant un domaine de liaison au glucane, et au moins une séquence nucléotidique codant un domaine catalytique situé en 3' de la précédente, ladite séquence codant un domaine catalytique ayant au moins 50 % et de préférence au moins 70 % de similarité avec la séquence ID No. 3.

Par similarité, on entend le fait que, pour un même cadre de lecture, un triplet donné est traduit par le même acide aminé. Ce terme

inclut donc les modifications de bases résultant de la dégénérescence du code génétique.

Le pourcentage de similarité est déterminé en comparant une séquence donnée avec la séquence de référence. Lorsque celles-ci sont de longueurs différentes, le pourcentage de similarité est basé sur le pourcentage de nucléotides de la séquence la plus courte similaires à ceux de la séquence la plus longue.

Le degré de similarité peut être déterminé conventionnellement par utilisation de logiciels tels le ClustalW (Thompson *et al.*, Nucleic Acid Research (1994), 22 : 4673-4680) distribués par Julie Thompson (Thompson@EMBL-Heidelberg.DE) et Toby Gibson (Gibson@EMBL-Heidelberg.DE) du Laboratoire Européen de Biologie Moléculaire, Meyerhofstrasse 1, D-69117 Heidelberg, Germany. ClustalW peut aussi être chargé à partir de plusieurs sites web incluant IGBMC (Institut de Génétique et de Biologie Moléculaire et Cellulaire, B.P. 163, 67404 Illkirch cedex France; <ftp://ftp-igbmc.u-strabg.fr/pub/>) et EBI (<ftp://ftp.ebi.ac.uk/pub/software/>) et tous les sites renvoyant à l'Institut de Bioinformatique (Wellcome Trust Genome Campus, Hinxton, Cambridge CB10 1SD, UK).

Les acides nucléiques isolés selon l'invention peuvent comprendre notamment d'autres séquences destinées à améliorer l'expression et/ou l'activité de l'enzyme produite.

Il peut s'agir à titre d'exemple :

- des séquences codant une séquence signal pour leur sécrétion ;
- une duplication de la séquence codant le domaine catalytique CD2.

De façon préférée, un acide nucléique isolé selon l'invention comprend :

a) deux séquences codant des domaines catalytiques ayant au moins 50 %, et de préférence au moins 80 % de similarité avec la séquence ID n° 3 ;

5 b) une séquence codant le domaine de liaison au glucane, cette dernière étant située de préférence entre les deux séquences en a).

Un acide nucléique selon l'invention pourra comprendre en outre :

- un promoteur, apte à son expression dans une cellule hôte choisie,

10 - une séquence codant un peptide signal, et/ou

- une ou des séquences variables,

cette ou ces séquence(s) étant toutes situées en partie 5' des séquences codant le ou les domaine(s) catalytique(s).

15 Un exemple particulier d'un acide nucléique isolé selon l'invention comprend plus particulièrement :

a) la séquence ID No. 4,

b) une séquence présentant au moins 80 % de similarité avec la séquence ID n° 4, ou

c) le brin complémentaire de la séquence a) ou b), ou

20 d) une séquence hybridant a), b) ou c).

L'hybridation en d) est réalisée en conditions standard, et de préférence en conditions stringentes. Par hybridation en condition stringente, on entend le fait qu'il existe une identité de séquences d'au moins 80 % de la séquence que l'on cherche à hybrider et de préférence une identité d'au moins 90 % de la séquence que l'on cherche à hybrider, dans des conditions décrites par exemple dans Sambrook et Russel (3^{ème} édition, 2001, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, NY).

30 L'invention porte également sur un gène codant une dextrane-saccharase apte à former au moins 15 % de ramifications $\alpha(1\rightarrow2)$. Outre la séquence codante, le gène comprend les séquences permettant l'initiation

de la transcription ainsi que les séquences permettant l'attachement de l'ARN messager au ribosome (RBS). La séquence ID No. 5 représente une structure du gène tel qu'isolé de *L. mesenteroides* NRRL B-1299.

Les nucléotides en amont de l'ATG d'initiation de la traduction sont numérotés 1 à 232.

On peut identifier l'existence d'une séquence RBS entre les nucléotides 218 et 223, ainsi que les séquences consensus - 35 et - 10 situées entre les nucléotides 82 et 86 (TTGAA), d'une part et 100 et 105 (ATAAAT), d'autre part.

Toute séquence d'acide nucléique hybridable avec l'ADN de la séquence ID No. 4 ou son brin complémentaire est susceptible de coder une enzyme ayant les propriétés et caractéristiques de l'enzyme selon l'invention. Ceci s'applique tant aux séquences naturelles existant dans d'autres micro-organismes que *L. mesenteroides* NRRL B-1299 et isolées de banques génomiques de microorganismes, que celles préparées par génie génétique ou par synthèse chimique.

En particulier, les séquences en amont de l'ATG d'initiation de la traduction et nécessaires à l'expression de la protéine peuvent être avantageusement substituées par des séquences d'initiation de la transcription et/ou de fixation au ribosome adaptés au système d'expression choisi pour la séquence codante.

Une séquence d'acides nucléiques susceptible de s'hybrider en condition stringente avec l'acide nucléique isolé selon l'invention comprend également des fragments, des dérivés, ou des variants alléliques de la séquence d'acides nucléiques selon l'invention qui code une protéine ayant l'activité enzymatique décrite ci-avant. Ainsi, les fragments sont définis comme des fragments de molécules d'acides nucléiques suffisamment longs pour coder une protéine ayant conservé son activité enzymatique. Celle-ci inclut aussi bien des fragments dépourvus de la séquence codant le peptide signal responsable de la sécrétion de la protéine.

Le terme "dérivé" signifie séquence, différente de la séquence originelle, à une ou plusieurs positions, mais présentant un haut degré de similarité avec ces séquences. Dans ce contexte, similarité signifie une identité d'au moins 80 % des nucléotides, et de préférence d'au moins 90 % avec la séquence originelle. Les modifications dans ce cas portent sur des délétions, substitutions, insertions ou recombinaisons, à partir du moment où l'enzyme codée par ces séquences homologues présentent l'activité enzymatique des polypeptides selon l'invention.

Les séquences d'acides nucléiques selon l'invention telles que décrites ci-dessus et qualifiées de dérivés de ces molécules telles que définies ci-avant, sont généralement des variants exerçant la même fonction biologique. Ces variations peuvent être des variations naturelles, notamment celles observables d'une espèce à l'autre et résultant d'une variabilité inter espèce ou au contraire être introduites par le moyen d'une mutagenèse dirigée, aléatoire ou par DNA Shuffling (évolution moléculaire).

De la même façon, font partie de l'invention les acides nucléiques isolés codant une glycosyltransférase apte à catalyser la synthèse de dextrane ou d'oligosaccharide portant au moins 20 % et de préférence au moins 30 % de ramifications de type $\alpha(1 \rightarrow 2)$ et obtenus par évolution moléculaire (DNA shuffling) et comprenant :

- une étape de modification aléatoire d'une des séquences décrites précédemment et, en particulier, des séquences ID Nos. 3 et 4 et d'établissement de variants ;
- une étape d'expression de ces séquences modifiées dans une cellule hôte appropriée, un hôte abritant un variant ;
- une étape de criblage des hôtes exprimant une enzyme apte à former plus de 20 % et de préférence plus de 30 % de liaisons $\alpha(1 \rightarrow 2)$ sur un substrat approprié et une étape d'isolement du ou des gènes améliorés.

Un acide nucléique isolé selon l'invention pourra également comprendre :

a) une séquence ayant au moins 80 % de similarité avec la séquence codant une dextrane-saccharase exprimée par le plasmide pCR-T7-*dsrE* dans *E. coli* déposé à la CNCM le 15 mars 2001 sous le numéro I-2649 (*E. coli* JM 109 [pCR-T7-*dsrD*]), ou

5 b) une séquence complémentaire de la séquence en a).

La dénomination de la souche transformée par le plasmide recombinant pCR-T7-*dsrE* et déposée à la CNCM est celle indiquée ci-dessus entre parenthèses. Cela n'affecte pas le changement de dénomination du gène opéré ultérieurement au dépôt de ladite souche pour
10 les raisons évoquées supra.

L'invention porte également sur les fragments d'acides nucléiques tels que définis ci-dessus, hybridables avec la séquence ID No. 4, et utilisables comme sondes d'hybridation pour la détection de séquences codant des enzymes selon l'invention. Ces
15 fragments peuvent être préparés par toutes les techniques connues de l'homme du métier.

Outre les sondes d'hybridation, des amorces d'amplification font également partie de l'invention. Lesdites amorces sont des fragments hybridables avec la SEQ ID No. 4 ou avec son brin complémentaire et
20 permettent l'amplification de séquences spécifiques codant des dextrane-saccharases présentes dans un organisme procaryote ou eucaryote, animal ou végétal.

L'utilisation de telles amorces d'amplification permet la mise en oeuvre d'un procédé d'identification de l'existence éventuelle d'un gène
25 codant une enzyme apte à catalyser la synthèse de GOS avec des ramifications $\alpha(1\rightarrow2)$ dans un tel organisme, ledit procédé faisant également partie de l'invention.

L'invention porte également sur des vecteurs d'expression comprenant un acide nucléique tel que décrit ci-avant, sous le contrôle de
30 séquence permettant son expression et de préférence son excrétion dans des cellules procaryotes ou eucaryotes. Par cellules procaryotes, on

choisira de préférence des bactéries choisies dans un groupe comprenant *E. coli*, les *Lactococcus*, les *Bacillus*, les *Leuconostoc*. Par cellules eucaryotes, on choisira de préférence les eucaryotes choisis dans un groupe contenant les levures, les champignons ou les végétaux.

5 Le vecteur comprend un promoteur adapté à l'expression de l'acide nucléique isolé selon l'invention dans le système d'expression choisi. A titre d'exemple, le promoteur du bactériophage T7 pourrait être avantageusement choisi pour une expression dans *E. coli*.

10 L'invention porte également sur les cellules hôtes, procaryotes ou eucaryotes, transformées par un acide nucléique selon l'invention de préférence compris dans un vecteur d'expression portant un promoteur, adapté à une expression dans les cellules hôtes choisies. Les cellules transformées sont choisies dans le groupe des bactéries à Gram- telle *E. coli*, ou dans le groupe des bactéries à Gram+ telles *Lactococcus*, *Bacillus*,
15 *Leuconostoc* ou parmi les eucaryotes dans un groupe comprenant les levures ou les champignons, ou les végétaux.

Un exemple particulier d'une cellule transformée selon l'invention est la souche *E. coli* hébergeant un plasmide appelé PCR-T7 $dsrE$ et porteur de la séquence ID No. 4 sous le contrôle du promoteur
20 du bactériophage T7 et déposée à la CNCM le 15 mars 2001 sous le numéro I-2649.

La présente invention, par ailleurs, porte sur un procédé de production d'une glycosyltransférase apte à former des dextranses ou des oligosides présentant au moins 15 % et de préférence au moins 20 % de
25 ramifications de type $\alpha(1 \rightarrow 2)$ osidiques et comprenant :

a) l'insertion d'un acide nucléique ou d'un vecteur tel que décrit précédemment dans une cellule hôte apte à l'exprimer et de préférence à sécréter la glycosyltransférase ;

30 b) la caractérisation de l'activité enzymatique recherchée par toutes les méthodes accessibles à l'homme du métier ;

c) la purification de l'enzyme à partir d'un extrait cellulaire.

Par méthode de caractérisation de l'activité enzymatique connue de l'homme du métier, on comprendra les méthodes décrites dans la littérature par exemple dans la référence (2) ainsi que de nouvelles méthodes susceptibles d'être mises au point permettant d'identifier et de discriminer les glucooligosaccharides présentant le taux de ramification recherché.

Il s'agit en fait de tout procédé de criblage permettant d'identifier la présence de ramifications $\alpha(1\rightarrow2)$ dans un GOS.

A titre d'exemple, seront utilisées :

- l'HPLC pour lequel la migration des GOS varie en fonction de la nature et le positionnement des ramifications, notamment ceux ayant le lien $\alpha(1\rightarrow2)$ à l'extrémité réductrice et ceux ayant ce lien sur l'avant-dernier glucose, et/ou

- la Résonance magnétique nucléaire (RMN),
- l'existence d'une réaction positive avec des anticorps monoclonaux spécifiques des liaisons $\alpha(1\rightarrow2)$ sur l'extrémité réductrice et/ou d'anticorps monoclonaux spécifiques des liaisons $\alpha(1\rightarrow2)$ sur l'avant-dernier glucose du GOS.

L'invention porte également sur un procédé d'obtention d'une glycosyltransférase apte à présenter des oligosides ou des dextrans présentant un taux de ramification $\alpha(1\rightarrow2)$ supérieur à 15 % et de préférence supérieur à 30 % de la totalité des liaisons osidiques et comprenant une étape de modification de la séquence ID No. 4 par addition, délétion, mutation à partir du moment où :

- le cadre de lecture n'est pas modifié, et
- les acides aminés suivants sont conservés après traduction :
 - W en positions 425 ou 2122, codé par le triplet TGG en positions 1273 et 6364,
 - E en positions 430, 565, 2127 et 2248 codés par les triplets GAA en positions 1288, 1693, 6379 et 6742 respectivement,

D en positions 487, 489, 527, 638, 2170 et 2210 codés par les triplets GAT en positions 1459, 1465, 1579, 1912, 6508 et 6628 respectivement,

5 D en positions 2172 et 2322 codés par les triplets GAT en positions 6514 et 6964,

H en position 637 et 2321, codés respectivement par les triplets CAT en position 1909 et CAC en position 6961,

Q en positions 1019 et 2694 codés respectivement par les triplets CAA (position 3055) et CAG (position 8080).

10 Un procédé de production d'une glycosyltransférase selon l'invention ayant les mêmes caractéristiques que ci-avant peut également comprendre :

- une étape de modification aléatoire de la séquence ID n° 4 et d'établissement d'une banque de variants,

15 - une étape d'expression de ces séquences modifiées dans une cellule hôte appropriée, un hôte abritant un variant,

- une étape de criblage des hôtes exprimant une enzyme apte à former plus de 15 % et de préférence plus de 30 % de liaison $\alpha(1 \rightarrow 2)$ sur un substrat approprié,

20 - une étape d'isolement du ou des gènes améliorés.

Dans un autre mode de réalisation de l'invention, le procédé consiste à modifier la séquence ID No. 3 par duplication de tout ou partie du domaine catalytique CD2.

25 On pourra comprendre que les procédés ci-dessus visent non seulement à l'obtention d'une glycosyltransférase apte à former des oligosides présentant un taux de ramification $\alpha(1 \rightarrow 2)$ constant et reproductible, supérieur à 15 % des ramifications totales mais également à améliorer le taux de ramification $\alpha(1 \rightarrow 2)$ dans l'objectif de modifier les propriétés des oligosides obtenus dans le sens d'une amélioration de leurs

30 propriétés diététiques ou de leur capacité à maintenir ou rétablir la flore bactérienne associée à certains organes du corps humain ou animal.

La présente invention porte enfin sur les glycosyltransférases susceptibles d'être obtenues par un procédé cité ci-avant et apte à former au moins 15 % et de préférence au moins 30 % de ramifications de type $\alpha(1 \rightarrow 2)$ osidiques dans des glucooligosaccharides.

5 L'invention porte enfin sur l'utilisation des glycosyltransférases selon l'invention ainsi que celles susceptibles d'être obtenues par les procédés ci-dessus, dans la fabrication d'une composition à effet prébiotique ou dans la fabrication d'une composition dermatologique, cosmétique ou pharmaceutique.

10 A titre d'exemples non limitatifs, on peut citer l'amélioration du transit intestinal chez les animaux et chez l'homme, l'amélioration de l'assimilation du calcium et/ou du magnésium et des minéraux en général, la prévention du cancer du côlon, la prévention ou le traitement des affections de la peau telles l'acné, les pellicules, les odeurs corporelles.

15 L'avantage des polypeptides et des acides nucléiques codant ces polypeptides selon l'invention se situe non seulement au niveau de l'amélioration en terme de qualité, de rendement, de reproductibilité, et de prix de revient des glycosyltransférases aptes à former des oligosaccharides avec des ramifications de type $\alpha(1 \rightarrow 2)$ osidiques mais
20 également dans la perspective de produire de nouvelles enzymes dont la fonctionnalité est améliorée.

Les figures, exemples et description détaillés ci-après permettent, sans la limiter, d'illustrer les caractéristiques et les fonctionnalités particulières des polypeptides à activité enzymatique et des
25 séquences codant ceux-ci. Elles permettent en particulier d'illustrer de façon plus précise la spécificité du domaine catalytique présent dans la partie carboxylique de l'enzyme selon l'invention et son évolution potentielle pour l'obtention d'enzymes améliorées.

LEGENDE DES FIGURES :

Figure 1 : structure des glycosyltransférases natives et des protéines recombinantes dérivées : la figure 1a) représente la structure des glycosyltransférases et des dextrane-saccharases décrites dans la littérature (1). PS : peptide signal ; ZV : région variable, CD : domaine catalytique, GBD : domaine de liaison au glucane. La figure 1b) représente la structure de la glycosyltransférase selon l'invention. Les figures 1c) à 1i) représentent différentes constructions comportant des délétions en comparaison de la protéine DSR-E native. Δ (PS) correspond au contrôle constitué par la forme entière clonée dans le système pBAD-TOPO Thiofusion (Invitrogen).

Figure 2 : schéma récapitulatif de la méthode de clonage de la séquence nucléotidique codant une glycosyltransférase selon l'invention à l'aide d'une bibliothèque génomique en utilisant une sonde PCR décrite dans le tableau I et une sonde *HindIII/EcoRV* respectivement.

Figure 3 : comparaison des séquences signal de différentes glycosyltransférases de *L. mesenteroides*. Les acides aminés conservés sont en gras. DSR-B : *L. mesenteroides* NRRL B-1299 (4) ; DSR-S : *L. mesenteroides* NRRL B-512F (5) ; ASR : *L. mesenteroides* NRRL B-1355 (6).

Figure 4 : alignement des 11 séquences répétées de l'enzyme DSR-E et observées dans la zone variable.

Figure 5 : alignement des séquences conservées du domaine catalytique.

- Bloc A : acides aminés essentiels de la partie N-terminale du domaine catalytique ;

- Bloc B : acides aminés de la partie du domaine catalytique de liaison au saccharose ;

- Blocs C, D, E : blocs contenant les trois résidus d'acides aminés impliqués dans la triade catalytique (6) ;

- Bloc F : séquence contenant la glutamine 937 de GTF-I étudiée par Monchois *et al.* (7).

Les acides aminés entièrement conservés sont indiqués en gras. « * » : substitutions conservatives ; « : » : substitutions semi-conservatives ; --- : GAP. Les numérotations sont celles de la séquence ID No. 2.

Figure 6 : caractérisation HPLC des produits synthétisés par l'enzyme recombinante DSR-E.

6A : analyse en HPLC des glucooligosaccharides obtenus avec les dextrane-saccharases de *L. mesenteroides* NRRL B-1299.

6B : analyse HPLC des glucooligosaccharides obtenus par la DSR-E recombinante. L'identification des différents pics suivants :

1 : fructose,

2 : maltose,

3 : sucrose,

4 : panose,

5 : R4,

6 : OD4,

7 : R5,

8 : OD5,

A, B, C : pics non identifiés.

6C : DSR-E recombinante délétée du domaine catalytique de la partie carboxylique de l'enzyme (Δ DSR-E).

Figure 7 : analyse HPLC des produits de la réaction d'accepteur sur maltose, synthétisés par les différentes formes entières et délétées de la protéine DSR-E.

L. m. B-1299 : mélange de dextrane-saccharases produit par *L. mesenteroides* NRRL B-1299.

L'identification des différents pics se fait comme suit :

F : fructose

M : maltose

S : saccharose

P : panose

R4, R5 : GOS comportant des liaisons $\alpha(1\rightarrow2)$

OD4, OD5 : GOS dépourvus de liaisons $\alpha(1\rightarrow2)$.

5

MATERIELS ET METHODES :

1) Souches bactériennes, plasmides et conditions de croissance :

Toutes les souches sont conservées à -80°C dans des tubes contenant 15% de glycérol (v/v).

10

Leuconostoc mesenteroides B-1299 (NRRL, Peoria, USA) est cultivée à 27°C , sous agitation (200 RPM) sur milieu standard (saccharose 40 g.l^{-1} , phosphate potassium 20 g.l^{-1} , extrait de levure 20 g.l^{-1} , $\text{MgSO}_4\cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.2 g.l^{-1} , $\text{MnSO}_4\cdot \text{H}_2\text{O}$ 0.01g.l^{-1} , NaCl 0.01g.l^{-1} , CaCl_2 0.02 g.l^{-1} , $\text{FeSO}_4\cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.01 g.l^{-1}), le pH étant ajusté à 6,9.

15

Escherichia coli DH5 α et JM109 ont été cultivées sur milieu LB (Luria-Bertani).

La sélection des clones recombinants de pUC18 ou pGEM-T Easy est effectuée sur boîtes LB-agar supplémenté avec $100\text{ }\mu\text{g.ml}^{-1}$ d'ampicilline, 0.5 mM d'isopropyl- β -D-thiogalactopyranoside (IPTG) et $40\text{ }\mu\text{g.ml}^{-1}$ de 5-bromo-4-chloro-3-indolyl- β -D-galactopyranoside (X-gal). Des cellules d' *E. coli* TOP 10 ont été utilisées pour le système de clonage de produit PCR TOPO Cloning (Invitrogen), et cultivées sur milieu LB supplémenté de kanamycine à la concentration de $50\text{ }\mu\text{g.ml}^{-1}$.

20

En ce qui concerne l'expression de *dsrE*, le kit de clonage ECHO Cloning System (Invitrogen) permet le clonage d'un produit PCR dans un vecteur donneur (pUNI/V5-His-TOPO), précédant une étape de recombinaison avec un vecteur accepteur adapté (pCR-T7-E). Ce système requiert des cellules *E. coli* PYR1, TOP 10 et BL21(DE3)pLysS cultivées sur milieu LB supplémenté de $50\text{ }\mu\text{g.ml}^{-1}$ de kanamycine, ainsi que de $34\text{ }\mu\text{g.ml}^{-1}$ de chloramphénicol pour la souche BL21(DE3)pLysS.

25

30

Les plasmides pUC18 digérés et déphosphorylés proviennent de Pharmacia (Amersham Pharmacia Biotech) et ont été utilisés pour la constitution de banque d'ADN génomique de *L. mesenteroides* NRRL B-1299. Le clonage de produit PCR a, quant à lui, nécessité l'emploi de plasmide pGEM-T Easy (Promega), et pour les fragments de plus de 2 kbp, de plasmide TOPO-XL (Invitrogen).

Le système pBAD-TOPO Thiofusion (Invitrogen), utilisé pour construire les différentes formes délétées de la protéine DSR-E, met en jeu le promoteur *araBAD*, dont les mécanismes de contrôle impliquent la protéine régulatrice AraC. En l'absence d'inducteur, à savoir le *L*-arabinose, la protéine dimérique AraC s'associe aux structures régulatrices de l'opéron et entraîne la formation d'une boucle d'ADN, ladite boucle bloquant ainsi la transcription des gènes placés sous le contrôle du promoteur *araBAD*. En présence de *L*-arabinose en revanche, AraC forme un complexe, ce qui libère la boucle d'ADN et permet l'initiation de la transcription. L'expression basale peut être limitée en ajoutant du glucose au milieu de culture : celui-ci intervient en diminuant le niveau d'AMP cyclique, et donc l'activation concomitante de la protéine CAP (cAMP activator protein). Le niveau d'activation obtenu est fonction de la concentration en *L*-arabinose, de telle sorte que les conditions optimales de production de la protéine d'intérêt peuvent être sélectionnées avec précision.

De plus, l'emploi de ce vecteur permet de positionner une étiquette thioredoxine de 12 kDa du côté N-terminal de la protéine d'intérêt. Cette fusion vise à favoriser la traduction du gène codant ladite protéine d'intérêt. La protéine étiquette permet en outre d'augmenter la solubilité de la protéine à laquelle elle se trouve fusionnée. Le système pBAD-TOPO Thiofusion est conçu pour permettre d'éliminer facilement l'étiquette thioredoxine, par simple clivage à l'aide de l'entérokinase. Enfin, grâce à ce système d'expression, une étiquette histidine est insérée du côté de l'extrémité C-terminale de la protéine d'intérêt. Une telle étiquette est utile pour purifier ladite protéine par affinité.

Dans le cadre de l'utilisation de ce système, la souche *E. coli* TOP 10 a été cultivée sur milieu LB supplémenté de 100 µg.ml⁻¹ d'ampicilline.

2) Electrophorèse sur gel, localisation et caractérisation de l'enzyme :

Après une culture de *L. mesenteroides* NRRL B-1299 de 7h, le milieu a été centrifugé (7000 RPM, 4°C, 30 min) et les cellules, où 90% de l'activité enzymatique se retrouve, ont été concentrées 10 fois dans une solution de tampon acétate (20 mM, pH 5,4), chauffées 5 minutes à 95°C en présence de solution de dénaturation (Tris HCl 62.5 mM, SDS 4%, urée 6M, bleu de bromophenol 0.01% et β-mercaptoethanol 200 mM). 300 µl du mélange a été déposé sur gel de polyacrylamide à 7%. Après migration, les protéines totales ont été révélées par coloration au noir amido, alors que l'activité dextrane-saccharase a été détectée par coloration du polymère au réactif de Schiff après synthèse de dextrane *in situ*. Les bandes correspondant à des dextrane-saccharases actives ont été excisées et incubées séparément dans 2 ml de solution d'acétate de sodium 20 mM pH 5.4 contenant 100g.l⁻¹ de saccharose et 50 g.l⁻¹ de maltose. Après consommation totale du saccharose, la réaction a été arrêtée par chauffage à 95°C pendant 5 minutes, et le milieu réactionnel centrifugé 5 minutes à 15000g afin d'éliminer le dextrane insoluble. Les échantillons ont été analysés par chromatographie en phase inverse (colonne C18, Ultrasep 100, 6 µm, 5x300mm, Bishoff Chromatography) en utilisant de l'eau ultrapure comme éluant, à un débit constant de 0.5 ml.min⁻¹. Les oligosaccharides ont été séparés pendant 30 minutes à température ambiante, et détectés par réfractométrie. Le séquençage peptidique a été réalisé sur les bandes protéiques sélectionnées par le Laboratoire de Microséquençage, Institut Pasteur, Paris.

3) Techniques de biologie moléculaire utilisées :

La purification du plasmide de *E. coli* et la purification de l'ADN génomique de *L. mesenteroides* ont été réalisées en utilisation

respectivement QiaPrep Spin Plasmid kit et le Cell Culture DNA maxi kit (QiaGen). Les procédés d'amplification et de clonage ont été réalisés en utilisant les techniques standard (Sambrook et Russel, 2001, supra). Les enzymes de restriction et de modification, provenant des sociétés commerciales New England Biolabs ou Gibco BRL, ont été utilisées selon les protocoles des fabricants.

La PCR a été réalisée avec des amorces choisies sur la base de la séquence protéique obtenue sur une bande de gel d'électrophorèse isolée (voir supra, électrophorèse sur gel et localisation de l'enzyme). Deux peptides ont été sélectionnés :

- 29-FYFESGK, et
- 24-FESQNNNP

et utilisés pour synthétiser des oligonucléotides dégénérés et indiqués dans le tableau I ci-dessous.

Dans ce tableau où les numérotations sont celles de la séquence ID no. 4, il apparaît que la présence d'un résidu sérine dans les deux peptides nécessite la synthèse de deux amorces pour chaque peptide dans la mesure où la sérine peut être codée par six codons différents. ECHO-dir et ECHO-inv sont les amorces utilisées ayant permis l'amplification de *dsrE* par PCR pour son clonage dans le système d'expression ECHO Cloning (Invitrogen).

TABLEAU I :

Désignation	Description	Séquence 5'-3'
29-dir1 29-dir2	FYFESGK	TT(C/T)TA(C/T)TT(C/T)GA(A/G)TCAGG(C/G)AA(A/G) TT(C/T)TA(C/T)TT(C/T)GA(A/G)AGCGG(C/G)AA(A/G)
24-inv1 24-inv2	FESQNNNP	(T/G)GG(G/A)TT(G/A)TT(G/A)TTTTGTGA(T/C)TCAAA (T/G)GG(G/A)TT(G/A)TT(G/A)TTTTGGCT(T/C)TCAAA
IPCR-rev	séquence nt 5769-5798	CCCTTTACAAGCTGATTTTGCTTATCTGCG
IPCR-dir	séquence nt 8311-8342	GGGTCAAATCCTTACTATACATTGTACACGG
ECHO-dir	séquence nt -6 - 39	AGTTGTATGAGAGACATGAGGGTAATTTGTGACCGTAAAAAATTG
ECHO-inv	séquence nt 8457-8504	ATTTGAGGTAATGTTGATTTATCACCATCAAGCTTGAAATATTGACC

PCR :

La PCR a été réalisée en utilisant un thermocycleur Perkin-Elmer, modèle 2400, et avec 50 nanogrammes d'ADN génomique. Les quantités d'amorces utilisées étaient de 10 μ M de 29-Dir1 et de 24-Inv1. Au mélange réactionnel, ont été ajoutés 250 μ M de chaque désoxynucléotide triphosphate, et la Taq Polymérase.

Après une amplification de 25 cycles à 94° C pendant 30 secondes puis à 50° C pendant 30 secondes, puis à 72° C pendant 5 minutes, un fragment de 666 paires de base a été obtenu.

Certains fragments ont été amplifiés à l'aide du système « Expand Long Template PCR » (Roche Boehringer Mannheim), conformément aux indications d'utilisation du fournisseur. Ce système permet d'amplifier des fragments de grande taille, jusqu'à environ 20 kbp, de manière très efficace. La combinaison de deux ADN polymérases permet notamment de minimiser le taux d'erreur durant les étapes d'élongation.

Hybridation southern et bibliothèque génomique de *L. mesenteroides* NRRL B-1299 :

L'ADN chromosomique de *L. mesenteroides* NRRL B-1299 a été digéré avec différentes enzymes de restriction, puis séparé par électrophorèse sur gel d'agarose à 0,8 % en tampon TAE 0,5X.

Des bibliothèques génomiques de la bactérie ont été transférées sur des membranes de nylon hybond N+ (Amersham PharmaciaBiotech). L'hybridation a été réalisée en utilisant le fragment de 666 paires de bases à la désoxy-adénosine-triphosphate marqué au 32 P. La réaction de marquage a été réalisée en utilisant le kit de marquage "Mega Prime DNA Labelling System Kit" (Amersham PharmaciaBiotech), suivie par la purification de la sonde sur des colonnes MicroSpin S-200HR. La pré-hybridation et l'hybridation ont été réalisées en conditions fortement stringentes (65° C pendant la nuit, selon les méthodes habituelles) (Sambrook et Russel, 2001, supra).

PCR inverse :

La réaction de PCR inverse permet d'obtenir un fragment d'ADN linéaire à partir d'une matrice circulaire en utilisant des amorces divergentes.

5 L'ADN génomique de *L. mesenteroides* NRRL B-1299 a été digéré par *EcoRV* dans les conditions recommandées par le fournisseur.

Après re-circularisation, les produits de digestion ont été utilisés comme matrice dans une réaction de PCR inverse [Extrapol II DNA polymerase (Eurobio), volume réactionnel de 50 µl, paramètres de la
10 réaction de PCR inverse : 25 cycles ; 94° C, 30 secondes ; 51° C, 30 secondes ; 72° C, 3 minutes]. Les deux amorces ont été choisies en fonction de la séquence de l'insert de pSB2 comme indiqué dans la figure 2.

La figure 2 résume les modalités d'obtention des différents
15 plasmides porteurs des fragments de *dsrE* par criblage de la bibliothèque génomique et utilisation des sondes décrites ci-dessus.

Séquence d'ADN et analyse :

Après le séquençage des peptides, des amorces dégénérées dessinées en tenant compte de la fréquence d'utilisation des codons dans
20 les gènes de dextrane-saccharases de *L. mesenteroides* NRRL B-1299, ont été synthétisées et ont permis l'amplification d'un fragment de 666 bp. Le séquençage de ce fragment a révélé de fortes homologues avec les gènes de dextrane-saccharases déjà connus, tout en étant totalement nouveau.

25 L'utilisation de ce fragment comme sonde homologue dans des expériences de Southern, a permis de repérer des signaux positifs sur différentes pistes d'ADN génomique digéré. Une première banque *HindIII* a ainsi été criblée, et un plasmide recombinant, nommé pSB2, contenant un insert de 5,6 kbp, a été purifié. L'analyse de la séquence de ce fragment
30 *HindIII* a révélé un cadre ouvert de lecture couvrant la totalité de l'insert. Ensuite, une banque *EcoRV* a été criblée avec une sonde *HindIII/EcoRV*

isolée à l'extrémité N-terminale de l'insert *HindIII* de 5,6 kbp. Un plasmide recombinant pSB3, testé positivement par dot-blot, s'est avéré contenir un insert de 3,8 kbp qui, après séquençage, a été montré contenir le codon d'initiation de la traduction et la région promotrice du nouveau gène de dextrane-saccharase nommé *dsrE*.

Dans le but d'obtenir le codon de terminaison de *dsrE*, une PCR inverse a été réalisée sur de l'ADN génomique de *L. mesenteroides* NRRL B-1299 digéré par *EcoRV* et reliqué sur lui-même, en utilisant des amorces oligonucléotidiques divergentes dessinées à partir de la séquence de l'insert pSB2. Un fragment unique à la taille attendue de 1 kbp a été amplifié puis cloné dans un pGEM-T Easy, pour obtenir le plasmide pSB4. Après séquençage, la séquence amplifiée située en aval du site *HindIII* comporte 221 bp et contient le codon de terminaison du cadre de lecture de *dsrE*, situé 30 bp en aval du site de restriction *HindIII*.

Le séquençage des différents fragments portés par les trois plasmides a été réalisé par la société Génome Express et ce, sur les deux brins. Les analyses des séquences de nucléotides ont été réalisées en utilisant le "ORF Finder" (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/gorf.html>), Blast (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/blast.cgi>, Altschul *et al.*, 1997) ClustalW (<http://www2.ebi.ac.uk/clustalw>, Thompson *et al.*, 1994), PRODOM (<http://protein.toulouse.inra.fr/prodom.html>, Corpet *et al.*, 2000), PFAM (<http://pfam.wustl.edu/hmmsearch.shtml>, Bateman *et al.*, 2000) et SAPS (<http://bioweb.pasteur.fr/seqanal/interfaces/saps.html>, Brendel *et al.*, 1992), l'ensemble de ces logiciels étant accessible par internet.

Expression de la protéine :

Deux systèmes de clonage et d'expression ont été utilisés aux fins de la production de protéines recombinantes chez *E. coli*, à savoir les systèmes ECHO-Cloning et pBAD-TOPO Thiofusion (Invitrogen).

A titre d'exemple, se trouve brièvement décrite ci-après la méthode de clonage de la séquence nucléotidique codant la protéine DSR-E au moyen du système ECHO-Cloning.

Deux amorces telles que proposées dans le tableau I ci-dessus ont été utilisées dans le cadre de l'amplification à l'aide du système "Expand Long Template" dans les conditions suivantes : 94° C pendant 3 minutes suivis de 25 cycles à 94° C pendant 30 secondes, 55° C pendant 30 secondes, et 68° C pendant 7 minutes. Les produits PCR ont ensuite été clonés dans le vecteur pUNI/V5-His-TOPO, permettant l'obtention d'un vecteur donneur (pUNI-*dsrE*) à recombinaison avec un vecteur accepteur (pCR-T7-E) et adapté à l'expression dans *E. coli*. Le plasmide final a été désigné pCR-T7-*dsrE*.

Cette construction, plaçant le gène *dsrE* sous le contrôle du promoteur du bactériophage T7, a permis l'expression inductible du gène *dsrE*.

Après induction avec 1 mM d'IPTG, les cellules de *E. coli* BL21 transformées ont été récoltées par centrifugation après 4 heures de croissance, et re-suspendues à une densité optique finale de 80 à 600 nm dans du tampon acétate de sodium 20 mM pH 5,4 et du Triton X100 à 1% (v/v) en présence de 1 mM PMSF afin d'empêcher la protéolyse dans les extraits cellulaires après sonication.

Des expériences similaires, réalisées avec le système pBAD-TOPO Thiofusion, ont permis de construire le vecteur recombinant pBAD-TOPO-*dsrE*.

Tests enzymatiques :

Les réactions enzymatiques ont été réalisées dans les conditions standard à 30 °C dans du tampon acétate de sodium 20 mM pH 5,4, NaN_3 1 g/l⁻¹ et saccharose 100 g/l⁻¹. L'activité de l'enzyme DSR-E a été déterminée en mesurant la vitesse de libération des sucres réducteurs, représentés en l'espèce par le fructose, à l'aide de la méthode à l'acide dinitro-salicylique bien connue de l'homme du métier. Une unité a été définie comme la quantité d'enzyme qui catalysait la formation d'1 µmol de fructose par minute dans les conditions standard. Les oligosaccharides ont

été synthétisés dans un milieu réactionnel contenant 100 g/l de maltose, 200 g/l de saccharose et 0,5 unités/ml de DSR-E.

Comme pour la synthèse de dextrane, la réaction enzymatique a été poursuivie pendant 24 heures en présence de 100 g/l de glucose. Le dextrane produit a été précipité en présence d'éthanol 50 % (v/v) et lavé deux fois dans l'éthanol à 50 % (v/v) avant lyophilisation. Il a ensuite été dissous à 10 mg/ml dans du D₂O et analysé par spectrométrie deRMrl du ¹³C.

Séparation par HPLC :

Des échantillons de 100 µl ont été prélevés et chauffés à 95 °C pendant 5 minutes, puis dilués dans de l'eau ultra-pure de manière à obtenir une concentration finale en sucres totaux inférieure à 5g.l⁻¹. Après centrifugation, les substrats résiduels et les différentes espèces formées ont été analysés par HPLC sur colonne C18 (Ultrasep 100, 6 µm, 5x300 mm, Bishoff Chromatography).

La séparation des oligosides a été réalisée à température ambiante, pendant 30 minutes, dans de l'eau ultra-pure appliquée à titre d'éluant à un débit de 0,5 ml/min. La détection a été accomplie par réfractométrie.

De telles conditions ont permis de séparer les espèces suivantes : fructose, maltose, leucrose, saccharose, ainsi que les oligosides dont le degré de polymérisation ne dépassait pas 6.

Calcul des rendements :

La méthode de calcul des rendements des réactions de synthèse d'oligosides a pris en compte la concentration résiduelle d'accepteur, conformément à la formule suivante :

$$R = \{[GOS \text{ finaux}] - [GOS \text{ initiaux}]\} / \{0,474 \times [\text{saccharose consommé}] + [\text{accepteur consommé}]\}$$

où R représente le rendement réel de la réaction de synthèse des GOS totaux, les concentrations étant exprimées en g/l.

Construction des différentes formes délétées de la protéine DSR-E :

Les différentes formes délétées de la protéine DSR-E [Figure 1c) à 1i)] ont été obtenues par amplification par PCR des fragments correspondants du gène *dsrE*, puis clonage dans le vecteur pBAD-TOPO Thiofusion, dont la description est fournie supra. Les amorces utilisées pour l'amplification des régions sélectionnées à partir du gène *dsrE* sont listées dans le tableau II suivant. Les positions des amorces sont indiquées en référence à la séquence ID no. 5, relative à la séquence du gène *dsrE*. Les bases mutées afin d'introduire le site de restriction *NcoI* sont en caractères gras et le site *NcoI* résultant est souligné.

TABLEAU II :

Désignation	Positions	Séquence 5'-3'
pBAD-PS/ZV-dir	344-373	<u>GCCATGG</u> CAAATACGATTGCAGTTGACACG
pBAD-ZV/CD1-dir	971-1001	<u>GCCATGG</u> ACGGTAAAACCTATTTTCTTGACG
pBAD-CD1/GBD-dir	3656-3682	<u>TCCATGGG</u> TGAAAAACAAGCACCGGC
pBAD-GBD/CD2-dir	6167-6189	<u>ACCATGG</u> ATATGTCTACTAATGC
pBAD-CD1/GBD-inv	3638-3658	TAAGTGTTTAGGCAAGAATCC
pBAD-GBD/CD2-inv	6146-6172	TAATGTATTAGTGAATAAGTATTCACC
pBAD-ent-inv	8714-8737	AATTTGAGGTAATGTTGATTTATC

Les amorces directes et inverses ci-dessus ont été dessinées de manière à assurer la fusion traductionnelle de l'étiquette thioredoxine en N-terminal et l'étiquette polyhistidine en C-terminal des formes protéiques tronquées en respectant les cadres ouverts de lecture des régions codant lesdites formes.

Dans la mesure où le plasmide pBAD-TOPO Thiofusion contient un site de restriction spécifique de l'enzyme *NcoI* situé au niveau de l'extrémité 5' de la région codant la thioredoxine, un deuxième site *NcoI*

a été introduit dans chaque amorce directe afin de pouvoir, le cas échéant, extraire ladite région.

Les réactions d'amplification par PCR ont été réalisées à l'aide du système « Expand Long Template » dans les conditions suivantes : une pré-dénaturation à 94 °C pendant 3 minutes, suivie de 25 cycles à 94 °C pendant 30 secondes, 52 °C pendant 30 secondes et 68 °C pendant 7 minutes.

Les produits d'amplification ainsi générés ont ensuite été clonés dans le vecteur pBAD-TOPO Thiofusion aux fins de la transformation subséquente de la souche *E. coli* TOP 10. Des clones recombinants ont été sélectionnés, leur profil de restriction analysé afin d'identifier, pour chacune des formes recherchées, un plasmide recombinant portant l'insertion orientée comme attendu.

Exemple 1 : Caractérisation et purification de l'enzyme DSR-E et obtention du gène *dsrE*

Les enzymes produites par les cultures de *L. mesenteroides* et obtenues sur gel de polyacrylamide en SDS tel que décrit dans la partie Matériels et Méthodes ont été isolées par découpe du gel.

Les GOS produits par les enzymes ainsi isolées ont été analysés par HPLC selon les méthodes décrites dans (1). L'enzyme dont l'activité était recherchée a été déduite de la nature des GOS produits. Après protéolyse trypsique et séparation par HPLC des peptides produits, 2 peptides : 29- FYFESGK et 24- FESQNNNP ont été séquencés et utilisés comme modèle pour la synthèse d'amorces nucléotidiques dégénérées.

Les différentes étapes d'amplification et de clonage sont représentées dans la figure 2. Le gène complet a été inséré dans le plasmide pCR-T7-E et exprimé dans *E. coli*.

La production d'une enzyme fonctionnelle est attestée par la production des GOS dont l'analyse HPLC est représentée dans la figure 6b).

On remarquera en particulier l'importance des pics 5 et 7 représentatifs des GOS à ramification $\alpha(1\rightarrow2)$.

Exemple 2 : caractérisation des séquences de *dsrE* et DSR-E

2.1 Séquence nucléotidique :

La séquence nucléotidique de l'enzyme est représentée dans la séquence ID No. 4. Elle est composée d'un cadre de lecture de 8506 nucléotides.

La séquence nucléotidique de l'insert dans le plasmide pCR-T7-*dsrE* contient un site de liaison au ribosome (RBS), 9 bases en amont du codon d'initiation ATG et est composée d'un hexa-nucléotide GAGGAA.

2.2 Analyse de la séquence d'acides-amino :

La séquence de 8506 nucléotides de *dsrE* code une protéine de 2835 acides aminés représentée dans la séquence ID No. 2. Le point isoelectrique de cette protéine est de 4,88 et son poids moléculaire théorique de 313,2 kDa. En dépit des fortes similarités avec les dextrane-saccharases déjà connues, DSR-E est caractérisée par une structure originale.

L'alignement de la séquence d'acides-amino avec l'ensemble des glycosyltransférases et des dextrane-saccharases connues confirme que la structure en domaine des glycosyltransférases et des dextrane-saccharases est conservée, à savoir : une séquence signal, une région variable, un domaine catalytique hautement conservé et un domaine de liaison au glucane. Cette structure est représentée dans la figure 1a).

Comme l'indique la figure 1b), un deuxième domaine catalytique forme la partie carboxy-terminale de l'enzyme comme cela été confirmé par PRODOM et une analyse Blast.

Avec un poids moléculaire de 313,2 kDa, DSR-E a environ 2 fois le poids moléculaire moyen des autres glycosyltransférases et dextrane-saccharases (1), ce qui est en accord avec la présence d'un

deuxième domaine catalytique à l'extrémité C-terminale et également avec un domaine de liaison au glucane plus long.

a) analyse de la séquence signal :

5 La séquence signal et la séquence nucléotidique codant le peptide signal sont extrêmement conservées si on les compare aux autres dextrane-saccharases comme ceci est indiqué dans la figure 3. Le site de clivage est localisé entre les acides aminés 40 et 41.

b) domaine variable :

10 En aval du peptide signal, DSR-E a un domaine variable de 207 acides aminés. Lorsqu'on le compare aux autres domaines variables des glycosyltransférases, en utilisant un programme d'alignement de type SAPS, on met en évidence la présence d'un motif de 14 acides aminés répété 11 fois comme ceci est indiqué dans la figure 4.

15 Ce motif répété, riche en alanine, threonine et acide aspartique n'a jamais été identifié précédemment.

Le rôle et la signification de cette région n'ont jamais été élucidés. Différentes études ont démontré que sa délétion n'affecte pas l'activité enzymatique (4). Le rôle du motif répété de 14 acides aminés qui n'existe pas dans les autres glycosyltransférases reste néanmoins à
20 déterminer.

c) analyse des domaines catalytiques :

Le premier domaine catalytique s'étend des acides aminés 248 à 1142 (CD1) de la séquence ID No. 2, alors que le deuxième est localisé entre les acides aminés 1980 et 2836 (CD2). Ces deux domaines
25 présentent 45 % d'identité et 65 % de similarité entre eux.

CD1 et CD2 contiennent les acides aminés déjà identifiés dans les glycosyltransférases et les dextrane-saccharases comme étant essentiels à leur activité enzymatique, et comme ceci est indiqué dans la figure 5.

30 Les triades catalytiques de CD1 et CD2 déterminées par analogie avec l' α amylase (7) sont présentes aux positions suivantes :

(Asp 527/Glu 565/Asp 638 pour CD1 et Asp 2210/Glu 2248/Asp 2322 pour CD2).

D'autres résidus conservés ont été identifiés comme importants pour l'activité enzymatique : les résidus Trp 425/Glu 430 pour CD1 et Trp 2122/Glu 2127 pour CD2, lesquels sont analogues à celles du domaine N-terminal de GFTI décrits par Monchois *et al.* (4) : Trp 344/Glu 349.

En revanche, certaines séquences situées dans la région conservée des glycosyltransférases et des dextrane-saccharases ne se retrouvent pas dans CD2 de DSR-E. Ainsi, comme indiqué dans la figure 5 ci-dessous, les séquences FIHNDTI (2214-2220) et KGVQEKV (2323-2329) divergent des autres séquences consensus des dextrane-saccharases déjà étudiées qui sont respectivement NVDADLL et SEVQTVI.

d) domaine de liaison au glucane :

Lorsque l'on compare la séquence de DSR-E avec les séquences connues, il apparaît que le domaine de liaison au glucane est sensiblement plus long. En effet, ce domaine a une longueur d'environ 500 acides aminés dans les glycosyltransférases et les dextrane-saccharases étudiées alors que dans DSR-E, il représente 836 acides aminés. Plusieurs motifs répétés A et C et, en particulier, une série de répétitions AC ont pu être identifiés. Dans le Tableau III suivant, sont indiquées les séquences consensus des motifs répétés du GBD, notamment des motifs A et C, décrits dans la littérature relativement à des dextrane-saccharases de *Leuconostoc* et *Streptococcus* spp.

TABLEAU III :

Motif	Séquence consensus
A	WWYFNxDGQAATGLQTIDGQTVFDDNGxQVKG
B	VNGKTYYFGSDGTAQTQANPKGQTFKDGSGVLRFYNLEGQYVSGSGWY
C	DGKIYFFDPDSGEVKNRFV
D	GGVKNADGTYSKY
N	YYFxAxQGxxxL

x : acide aminé indifférent.

Exemple 3 : expression de *dsrE* chez *E. coli*

Des cellules de *E. coli* BL21 (DE3) pLysS pCR-T7-*dsrE* ont été cultivées comme décrit ci-dessus. Après gel d'électrophorèse en polyacrylamide-(page-SDS) l'analyse des extraits protéiques a révélé effectivement la présence de plusieurs bandes ayant l'activité de dextrane saccharase, ladite activité étant mesurée comme ci-dessus.

La lignée *E. coli* JM109 [pCR-T7-*dsrD*] a été déposée à la CNCM le 15 mars 2001 sous le numéro I-2649.

Identification et caractérisation de l'activité enzymatique :

En utilisant une molécule accepteur de glucose, les dextrane-saccharases produites par *E. coli* recombinant ont été comparées avec celles produites par *L. mesenteroides* NRRL B-1299.

L'analyse HPLC des produits de la réaction avec la DSR-E recombinante montre (figure 6) des temps de rétention correspondant aux GOS préalablement identifiés R4 et R5 (2). Les oligosaccharides de type R sont les séries de GOS linéaires, le lien $\alpha(1 \rightarrow 2)$ étant lié à l'extrémité non-réductrice. La série OD, GOS linéaires résultant de liens glycosidiques $\alpha(1 \rightarrow 6)$ avec un résidu maltose à l'extrémité réductrice, a été observée en très faibles quantités. Trois nouveaux composés sont en revanche détectés dans les produits de l'enzyme recombinante.

Identification des GOS produits :

Finalement, la figure 6b montre clairement que les pics 5 et 7 représentant les GOS de la série R sont relativement plus importants avec l'enzyme recombinante qu'avec l'enzyme native dont les pics correspondant au panose et à OD5 sont plus importants.

Exemple 4 : Effet de la délétion de CD2 sur l'activité enzymatique de DSR-E

L'ADN génomique de *L. mesenteroides* NRRL B-1299 a été utilisé comme matrice pour amplifier par PCR le gène *dsrE* délété de la séquence correspondant au second domaine catalytique. Pour cela, 2 oligonucléotides, ECHO-dir

(5'-AGTTGTATGAGAGACATGAGGGTAATTTGTGACCGTAAAAAATTG) (SEQ. ID No. 6), correspondant à la séquence nucléotidique -6 à 39 et contenant le codon d'initiation de la traduction, et ECHO-inv-dél (5'-GTATTAGTGAATAAGTATTCACCATTGCATTTATCGTCAAATAGTACG) (SEQ. ID No. 7) complémentaire de la séquence 5889-5937 et correspondant à la séquence peptidique YYFDDKGNGEYCFTNT, ont été synthétisés, afin de fusionner l'extrémité C-terminale de la protéine délétée avec un tag His présent sur le vecteur de clonage. La réaction PCR a été réalisée grâce à un DNA thermal cycler model 2400 (Perkin-Elmer), avec le système Expand Long Template System (Boehringer Mannheim), suivant le cycle de température : 94°C pendant 3 min, puis 25 cycles avec : 30 s à 94°C, 30s à 55°C et 7 min à 68°C. Le produit PCR a ensuite été cloné dans le vecteur donneur pUNI, et le plasmide résultant, utilisé dans une réaction de recombinaison avec le vecteur d'expression pCR-T7- $\Delta dsrE$.

La préparation des extraits cellulaires, les réactions enzymatiques, l'analyse des produits de la réaction sont les mêmes que dans l'exemple 3 ci-dessus.

Le profil HPLC des GOS obtenus avec l'enzyme DSR-E délétée du domaine CD2 apparaît dans la figure 6 c).

Les GOS de type R, représentés par les pics 5 et 7 visibles dans la figure 6 a) et 6 b) sont totalement absents des produits obtenus avec l'enzyme recombinante délétée de CD2. Les seuls produits analysables sont ceux correspondant à des oligosides linéaires résultant de liens $\alpha(1 \rightarrow 6)$ avec un résidu maltose dans la partie réductrice. Ce résultat indique clairement le rôle essentiel du domaine catalytique situé dans la partie carboxy-terminale de l'enzyme dans sa capacité à former des liaisons osidiques $\alpha(1 \rightarrow 2)$.

Exemple 5 : étude des relations structure-fonction de la protéine DSR-E

Le gène *dsrE*, en ce qu'il est le premier gène codant une dextrane-saccharase catalysant la synthèse de liaisons $\alpha(1 \rightarrow 2)$ à avoir été cloné, revêt un intérêt particulier. Il est donc important de caractériser ce gène ainsi que son produit d'expression, en l'occurrence en déterminant quelle est l'implication des différents domaines composant la protéine DSR-E dans la fonction qui lui a été assignée, à savoir de correspondre à une dextrane-saccharase spécifique de la synthèse de liaisons $\alpha(1 \rightarrow 2)$.

5.1 Formes délétées de la protéine DSR-E :

L'étude de six formes différentes obtenues par délétion d'un ou de plusieurs domaines de la protéine DSR-E a été envisagée afin de déterminer, en référence à la Figure 1 ci-dessous : (i) l'influence de la présence du domaine CD2 en étudiant les constructions GBD-CD2 et $\Delta(\text{CD2})$; (ii) l'influence de la présence de la zone variable en analysant les formes $\Delta(\text{ZV})$ et CD1-GBD ; et (iii) le potentiel catalytique intrinsèque des domaines CD1 et CD2 exprimés de façon isolée (constructions CD1 et CD2).

L'activité catalytique de chacune des différentes formes a été comparée à celle observée avec le contrôle correspondant à la forme entière délétée du seul peptide signal $\Delta(\text{PS})$ [Figure 1c)].

5.2 Analyse des constructions :

A l'issue de la procédure expérimentale d'amplification par PCR et de clonage détaillée supra, plusieurs clones présentant une insertion selon l'orientation escomptée ont été obtenus pour chacune des constructions envisagées, à l'exception de la forme tronquée GBD-CD2 pour laquelle le produit d'amplification souhaité n'a pu être cloné.

Les séquences des insertions ont été déterminées afin de s'assurer de l'absence de mutations susceptibles de modifier, après traduction, des acides aminés situés au niveau de positions présumées essentielles pour l'activité enzymatique de la protéine ainsi codée.

Une mutation a été identifiée au niveau de la 31^{ème} base de l'insertion relative au contrôle Δ (PS), induisant la substitution d'un acide aspartique par une asparagine en position 10 de la zone variable. N'étant pas située au niveau des motifs répétés S de la zone variable (Figure 4), il semblerait que l'incidence de cette mutation sur la fonction finalement observée soit négligeable.

Une mutation a été introduite dans le produit d'amplification correspondant à la construction Δ (CD2), modifiant le résidu aromatique F1411 en leucine. Cette mutation est située dans le premier tiers du domaine de liaison au glucane GBD, au niveau d'une jonction entre deux motifs répétés.

La construction Δ (ZV), eu égard aux erreurs effectuées par la polymérase lors de la réaction d'amplification par PCR, ne présentait pas la séquence attendue. En effet, l'insertion contenait un cadre ouvert de lecture, ledit cadre correspondant pour l'essentiel à la forme GBD-CD2 qui n'avait pu être clonée. Cependant, dans la forme GBD-CD2 obtenue en définitive à la place de Δ (ZV), les 46 résidus N-terminaux étaient absents. Or, le domaine GBD compte plus de 800 acides aminés formant un enchaînement de 24 unités répétées. Cet enchaînement est tel que, sur les 46 résidus tronqués, seuls les 9 derniers étaient situés au niveau de l'une desdites unités, et en particulier au niveau de la première d'entre elles. Il

paraissait en conséquence plausible de considérer que la délétion de ces acides aminés était sans influence sur la réaction enzymatique catalysée par la forme protéique correspondante. Cette hypothèse était d'autant plus vraisemblable qu'il a été montré sur d'autres dextrane-saccharases, que la

5 perte d'un certain nombre d'unités répétées du domaine GBD ne réduisait pas l'activité de la protéine résultante de manière significative (8).

L'insertion codant la forme CD1-GBD contenait une mutation affectant le résidu F633, situé dans le domaine CD1, et plus précisément, au niveau d'une région fortement conservée parmi les dextrane-saccharases, elle-même localisée juste avant le deuxième acide aspartique

10 de la triade catalytique (Figure 5). La phénylalanine attendue était substituée par une leucine. Il est difficile, à ce stade, d'estimer l'impact d'une telle mutation sur l'activité catalytique observée.

De la même manière que pour les autres constructions, la séquence des insertions codant les domaines catalytiques CD1 et CD2 isolés est déterminée.

15

5.3 Produits d'expression et activités enzymatiques :

Les protéines correspondant aux diverses formes délétées de DSR-E ont été exprimées en soumettant les cellules recombinantes de *E. coli* à une induction par le *L*-arabinose selon une concentration de 0,002 %.

20 L'activité enzymatique a été observée pendant les quatre premières heures qui suivaient l'induction.

Les extraits protéiques obtenus par sonication des culots cellulaires ont été analysés en électrophorèse SDS-PAGE (Sambrook et Russel, 2001, supra). Les masses moléculaires des protéines recombinantes ont été estimées à partir des profils électrophorétiques obtenus, lesdites masses correspondant pour l'essentiel aux masses attendues, en tenant compte de l'incrément de 12 kDa liée à l'étiquette thioredoxine. Le Tableau IV ci-après résume les valeurs estimées des

25 masses moléculaires des différentes formes tronquées et fournit, à titre de comparaison, les masses attendues.

30

TABLEAU IV :

Forme protéique	Masse attendue (kDa)	Masse attendue + thioredoxine (kDa)	Masse estimée (kDa)
Δ (PS)	309	321	324
Δ (CD2)	218	230	ND
GBD-CD2	224	/	233
CD1-GBD	193	205	199
CD1	99	111	111
CD2	95	107	ND

ND : non déterminé.

5 Dans le Tableau V suivant, sont indiquées la nature et la position des acides aminés marquant le début et la fin des formes protéiques construites dans le cadre de cette étude. Les différentes positions font référence à la séquence ID no. 2 correspondant à la protéine DSR-E.

10 TABLEAU V :

Forme protéique	Acide aminé de début	Acide aminé de fin	Longueur totale
Δ (PS)	N41	I2835	2795
Δ (CD2)	M1	L1980	1980
GBD-CD2	M1188	I2835	1648
CD1-GBD	I248	L1980	1733
CD1	I248	Q1141	894
CD2	D1981	I2835	855

15 La forme GBD-CD2 ne possédait pas l'étiquette thioredoxine. En effet, cette forme était issue des aléas expérimentaux occasionnés par la procédure d'amplification par PCR de la séquence censée coder la forme Δ (ZV). Eu égard aux délétions de séquences alors générées, l'étiquette

thioredoxine, en principe située en 5' de la protéine d'intérêt, n'avait pu être fusionnée avec la région GBD-CD2.

La qualité des gels d'électrophorèse n'a pas permis de déterminer si le niveau d'expression des différentes formes était quantitativement identique et, en conséquence, si lesdites formes étaient présentes dans les mêmes proportions dans les extraits cellulaires.

Aussi les mesures d'activité fournies ont été établies sur la base d'un volume donné d'extraits cellulaires, mais n'ont pu être ramenées à la quantité de chaque protéine réellement contenue dans ledit volume d'extraits.

La synthèse de polymères de dextrane *in situ* par incubation des gels d'électrophorèse dans une solution de saccharose, et la coloration au réactif de Schiff subséquente ont confirmé la présence de protéines possédant une activité glucane-saccharase dans les extraits cellulaires correspondant à Δ (PS), Δ (CD2), GBD-CD2 et CD1-GBD.

Dans le Tableau VI ci-dessous, sont présentées les activités enzymatiques maximales observées pour chaque construction. Les résultats ont confirmé les données tirées des expériences de coloration des gels au réactif de Schiff, à savoir le fait que les extraits cellulaires relatifs aux formes Δ (PS), Δ (CD2), GBD-CD2 et CD1-GBD présentaient une activité saccharase, à l'inverse des deux domaines catalytiques pris isolément. Ce résultat était conforme à la littérature, étant donné qu'il avait été montré pour d'autres dextrane-saccharases, que l'absence du domaine GBD induisait une perte d'activité enzymatique drastique (8, 9, 10).

TABLEAU VI :

Forme protéique	Δ (PS)	Δ (CD2)	GBD-CD2	CD1-GBD	CD1	CD2
Activité maximale (U/l)	1063	181	86	235	5,3	0

La forme CD1 possédait une activité intrinsèque de niveau suffisant pour être détectée. Quant à la forme GBD-CD2, elle présentait un niveau d'activité non négligeable, dont on pouvait conclure que l'organisation structurale correspondante, à savoir un domaine catalytique en aval du domaine de liaison au glucane, demeurerait enzymatiquement active.

5.4 Effets des délétions sur la synthèse d'oligosides :

Dans la mesure où la spécificité de synthèse des liaisons $\alpha(1\rightarrow2)$ est conservée lors de la réaction en présence d'un accepteur, des expériences de synthèse d'oligosides à partir de maltose ont d'abord été effectuées (Figure 7).

Lorsque les réactions ont été menées à leur terme, c'est-à-dire lorsque tout le saccharose a été consommé, les rendements de synthèse en oligosides ont été calculés. Les résultats apparaissent dans le Tableau VII suivant. Seule la réaction impliquant l'extrait cellulaire contenant la forme protéique CD1 n'a pu permettre un tel calcul. L'effet de la température a probablement conduit à l'inactivation de la très faible activité présente dans l'extrait protéique.

TABLEAU VII :

Forme protéique	Rendement en oligosides de la série OD (%)	Rendement en oligosides de la série R (%)	Rendement en oligosides totaux
Enzyme native	36	28	64
Δ (PS)	41	14	55
Δ CD2)	67	1	68
GBD-CD2	45	47	92
CD1-GBD	100	0	100

Comme indiqué sur la Figure 7 ci-dessous, la présence d'oligosides de la série R n'était décelée qu'avec les formes enzymatiques possédant le domaine catalytique CD2, à l'exception du cas où ledit domaine était isolé et alors rendu complètement inactif. En effet, les temps de rétention des oligosides synthétisés par la forme délétée du deuxième domaine catalytique, ainsi que par la forme CD1-GBD, correspondaient uniquement à ceux de la série OD, c'est à dire aux GOS dépourvus de liaisons $\alpha(1\rightarrow2)$. Ces résultats indiquaient donc que le domaine CD2 était requis pour la formation des liaisons $\alpha(1\rightarrow2)$.

Les produits obtenus avec la forme GBD-CD2 ont permis d'étayer ces observations. Cette construction, qui possédait CD2 comme seul domaine catalytique, était capable de catalyser de manière prépondérante la synthèse d'oligosides de la série R, possédant des liaisons $\alpha(1\rightarrow2)$. Ce résultat démontrait donc que la spécificité en terme de fonction de l'enzyme DSR-E réside dans la séquence très originale de ce domaine, et non pas dans l'association de deux domaines catalytiques. En outre, la forme protéique GBD-CD2 permettait également la synthèse de liaisons $\alpha(1\rightarrow6)$. Toutefois, les faibles rendements obtenus pour ces oligosides indiquaient qu'ils étaient préférentiellement convertis en oligosides de degré de polymérisation supérieur appartenant à la série R, ce qui empêchait leur accumulation dans le milieu réactionnel, à la différence des molécules de la série R qui, elles, n'étaient pas converties (2).

En comparant les profils des produits obtenus, tels que montrés à la Figure 7, il est apparu que la forme entière $\Delta(PS)$ synthétisait majoritairement des oligosides linéaires. En effet, la molécule R4 était absente et l'oligoside R5 faiblement présent. Le domaine catalytique CD1 permettait, quant à lui, de catalyser la synthèse exclusive de liaisons $\alpha(1\rightarrow6)$ et son activité semblait prépondérante par rapport à celle du domaine CD2. Aussi, dans la forme entière de l'enzyme, l'implication du domaine CD2 serait donc moins importante du fait de : (i) paramètres

catalytiques intrinsèques plus faibles ; et/ou (ii) d'une configuration globale de l'enzyme défavorable à son activité.

En outre, l'enzyme entière $\Delta(\text{PS})$ catalysait la synthèse d'oligosides de la série R avec un rendement inférieur à celui observé avec le mélange de dextrane-saccharases produit par *L. mesenteroides* NRRL B-1299 (Figure 7). Le rendement obtenu, de 28 %, était situé entre ceux observés avec la forme entière $\Delta(\text{PS})$ d'une part, et la forme GBD-CD2 d'autre part. Or, l'on sait que la souche sauvage produit plusieurs formes de dextrane-saccharases susceptibles de synthétiser des liaisons osidiques, et notamment des liaisons $\alpha(1\rightarrow2)$. Une hypothèse avait été émise, selon laquelle lesdites formes étaient des produits de dégradation de DSR-E. Ainsi, dans la mesure où des formes tronquées de DSR-E, telles GBD-CD2, pouvaient catalyser la synthèse d'oligosides de la série R plus efficacement, il semblerait que les rendements obtenus avec le mélange hétérogène produit par *L. mesenteroides* NRRL B-1299 soient imputables à la contribution des activités catalytiques de l'ensemble de ces différentes formes enzymatiques.

En conclusion, les inventeurs ont réussi, en isolant une dextrane saccharase particulière produite par *L. mesenteroides*, à caractériser une structure particulière et inattendue de cette enzyme apte à produire des oligosides d'intérêt et présentant des ramifications de type $\alpha(1\rightarrow2)$. L'identification et la caractérisation de cette séquence permettent d'une part de construire des cellules ou organismes recombinants exprimant de façon spécifique cette enzyme et, d'autre part, d'en envisager sa modification par mutagenèse dirigée ou aléatoire ou par évolution moléculaire (DNA Shuffling) afin d'en améliorer encore ses caractéristiques.

Cette invention permet en outre d'améliorer le rendement et la reproductibilité de la production des GOS d'intérêt pour les différentes applications citées ci-avant.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

(1) Monchois V., Willemot R.M., Monsan P. (1999).
Glucansucrases : mechanism of action and structure-function relation-
ships. FEMS microbiol. Rev. 23, 131-151.

(2) Dols M., Remaud-Simeon M., Willemot R.M., Vignon
M.R., Monsan P.F. (1998). Structural characterization of the maltose
acceptor-products synthesised by *Leuconostoc mesenteroides* NRRL B-
1299 dextransucrase. Carbohydrate Research 305, 549-559.

(3) Arnold F.H. (2001). Nature 409 n° 6817, 253.

(4) Monchois V. Vignon M., Russel R.R.B. (1999). Isolation of
key amino-acid residues at the N-terminal end of the core region of
Streptococcus downei glucansucrase GTF-I. Appl. Microbiol. Biotechnol.
52, 660-665.

(5) Wilke-Douglas M., Perchorowicz J.T., Houck C.M.,
Thomas B.R. (1989). Methods and compositions for altering physical
characteristics of fruit and fruit products. PCT patent, WO 89/12386.

(6) Arguello-MOrales M.A., Remaud-Simeon M., Pizzut S.,
Sarçabal P., Willemot R.M., Monsan P. (2000). Sequence analysis of the
gene encoding alternansucrase, a sucrose glucosyltransferase from
Leuconostoc mesenteroides NRRL B-1355. FEMS Microb. Lett. 182, 81-85.

(7) Devulapalle K.S., Goodman S., Gao Q., Hemsley A.,
Mooser G. (1997). Knowledge-based model of a glucosyltransferase from
oral bacterial group of mutants *streptococci*. Protein Sci. 6, 2489-2493.

(8) Kato C., et Kuramitsu H.K. (1990). Carboxy-terminal deletion analysis of the *Streptococcus mutans* glucosyl-transferase-I enzyme. FEMS Microbiol. Lett. 72, 299-302.

5 (9) Lis M., Shiroza T., et Kuramitsu H.K. (1995). Role of the C-terminal direct repeating units of the *Streptococcus mutans* glucosyltransferase-S in glucan binding. Appl. Env. Microbiol. 61, 2040-2042.

10 (10) Monchois V., Remaud-Simeon M., Russel R.R.B., Monsan P., et Willemot R.M. (1997). Characterization of *Leuconostoc mesenteroides* NRRL B-512F dextranucrase (DSR-S) and identification of amino-acid residues playing a key role in enzyme activity. Appl. Microbiol. Biotechnol. 48, 465-472

15

REVENDICATIONS

1. Polypeptide isolé ayant une activité enzymatique de glycosyltransférase apte à former des dextranes présentant des ramifications $\alpha(1 \rightarrow 2)$ à partir de saccharose, d' α -D-fluoro-glucose, de para-nitrophényl- α -D-glucopyranoside, d' α -D-glucopyranoside- α D-sorbofurano-side ou de 4-O- α D-galactopyranosylsucrose, caractérisé en ce qu'il comprend au moins un domaine de liaison au glucane et un domaine à activité catalytique situé en aval du domaine de liaison au glucane.

2. Polypeptide selon la revendication 1 comprenant au moins deux domaines catalytiques situés de part et d'autre du domaine de liaison au glucane.

3. Polypeptide selon la revendication 1 ou 2 comprenant un peptide signal, une région variable, deux domaines catalytiques et un domaine de liaison au glucane situé entre les deux domaines catalytiques.

4. Polypeptide selon l'une des revendications 1 à 3 dans lequel le ou les domaine(s) à activité catalytique a (ont) un pourcentage de similarité compris entre 65 % et 100 % avec la SEQ. ID n°1.

5. Polypeptide selon l'une des revendications précédentes dans lequel la taille du domaine de liaison au glucane est supérieure à 500 aminoacides.

6. Polypeptide selon la revendication 5 ayant la SEQ. ID n°2.

7. Polypeptide selon la revendication 6 modifié par substitution, insertion, délétion de séquences d'acides aminés et

comportant des séquences présentant au moins 80 % et de préférence au moins 90 % de similarité avec les séquences suivantes de la séquence ID n° 2 :

423 – 439 (SEQ. ID n° 6)	2120 – 2138 (SEQ. ID n° 12)
478 – 501 (SEQ. ID n° 7)	2161 – 2184 (SEQ. ID n° 13)
519 – 539 (SEQ. ID n° 8)	2202 – 2214 (SEQ. ID n° 14)
560 – 571 (SEQ. ID n° 9)	2243 – 2250 (SEQ. ID n° 15)
631 – 645 (SEQ. ID n° 10)	2315 – 2322 (SEQ. ID n° 16)
1014 – 1021 (SEQ ID n° 11)	2689 – 2696 (SEQ. ID n° 17)

8. Polypeptide selon la revendication 7 dans lequel les acides aminés suivants sont inchangés :

W en positions 425 et 2122,

E en positions 430, 565 et 2127, 2248,

D en positions 487, 489, 527, 638, 2170, 2172, 2210 et 2322,

H en position 637 et 2321,

Q en position 1019 et 2694.

9. Acide nucléique isolé codant une enzyme à activité glycosyltransférase apte à former des dextranes présentant des ramifications $\alpha(1 \rightarrow 2)$ à partir de saccharose, d' α -D-fluoro-glucose, de para-nitrophényl- α -D-glucopyranoside, d' α -D-glucopyranoside- α -D-sorbofurano-side ou de 4-O- α -D-galactopyranosylsucrose, et comprenant au moins une séquence nucléotidique codant un domaine catalytique ayant au moins 50 %, et de préférence au moins 80 % d'identité avec la séquence ID n° 3, et situé en 3' d'une séquence codant un domaine de liaison au glucane.

10. Acide nucléique selon la revendication 9 comprenant :

a) deux séquences codant des domaines catalytiques ayant au moins 50 %, et de préférence au moins 80 % d'identité avec la séquence ID n° 3 ;

b) une séquence codant le domaine de liaison au glucane, ce dernier étant situé de préférence entre les deux séquences en a).

11. Acide nucléique isolé selon la revendication 10 présentant au moins 80 % d'identité avec

a) la séquence ID n° 4 ou ;

b) le brin complémentaire de la séquence en a), ou

c) une séquence hybridant a) ou b) en conditions stringentes.

12. Acide nucléique isolé selon la revendication 11 constitué de la séquence ID n° 4 ou son brin complémentaire ou de la séquence déduite de la dégénérescence du code génétique.

13. Acide nucléique isolé selon la revendication 11 comprenant :

a) une séquence ayant au moins 80 % d'identité avec la séquence codant une dextrane saccharase exprimée par le plasmide pCR-T7-*dsrD* déposé à la CNCM le 15 mars 2001 sous le numéro I-2649, ou

b) une séquence complémentaire de la séquence en a).

14. Vecteur d'expression comprenant un acide nucléique selon l'une quelconque des revendications 9 à 13.

15. Vecteur selon la revendication 14 dans lequel l'acide nucléique est sous le contrôle de séquence permettant son expression dans des cellules procaryotes ou eucaryotes.

16. Cellule hôte transformée par un acide nucléique selon l'une des revendications 9 à 13 ou un vecteur selon l'une des revendications 14 à 15.

5 17. Cellule transformée selon la revendication 16 choisie dans un groupe comprenant *E. coli*, les *Leuconostoc*, les végétaux, les *Lactococcus* et les *Bacillus* ou les levures.

10 18 cellule transformée selon la revendication 17 caractérisée en ce qu'il s'agit d'une souche de *E. coli* déposée à la CNCM le 15 mars 2001 sous le n° I-2649.

19. Procédé de production d'une dextrane saccharase apte à former des liaisons $\alpha 1 \rightarrow 2$ comprenant :

15 a) l'insertion d'un acide nucléique selon l'une des revendications 9 à 13 ou un vecteur selon l'une des revendications 14 à 15 dans une cellule hôte selon la revendication 16;

b) la purification de l'enzyme à partir d'un extrait cellulaire.

20 20. Procédé selon la revendication 19 dans lequel la cellule hôte est un procaryote choisi dans un groupe comprenant *E. coli*, les *Lactococci*, les *Bacillus*, les *Leuconostoc*.

25 21. Procédé selon la revendication 19 dans lequel la cellule hôte est un eucaryote choisi dans un groupe comprenant les levures, les champignons, les végétaux.

30 22. Procédé d'obtention d'une dextrane saccharase apte à former des oligosides ou des dextrans présentant un taux de liaison $\alpha(1 \rightarrow 2)$ supérieur à 30 % des liaisons totales comprenant une étape de

modification de la séquence ID n° 4 par addition, délétion, mutation à partir du moment ou :

- le cadre de lecture n'est pas modifié, et
- les acides aminés suivants sont conservés après traduction :

5 W en positions 425 ou 2122, codé par le triplet TGG en positions 1273 et 6364,

 E en positions 430, 565, 2127 et 2248 codés par les triplets GAA en positions 1288, 1693, 6379 et 6742 respectivement,

10 D en positions 487, 489, 527, 638, 2170 et 2210 codés par les triplets GAT en positions 1459, 1465, 1579, 1912, 6508 et 6628 respectivement,

 D en positions 2172 et 2322 codés par les triplets GAT en positions 6514 et 6964,

15 H en position 637 et 2321, codés respectivement par les triplets CAT en position 1909 et CAC en position 6961,

 Q en positions 1019 et 2694 codés respectivement par les triplets CAA (3055) et CAG (8080).

20 23. Procédé d'obtention d'une glycosyltransférase isolée apte à former des oligosides ou des dextrans présentant un taux de liaison $\alpha(1 \rightarrow 2)$ supérieur à 30 % comprenant :

 - une étape de modification aléatoire de la séquence ID n° 4 et d'établissement d'une banque de variants,

25 - une étape d'expression de ces séquences modifiées dans une cellule hôte appropriée, un hôte abritant un variant,

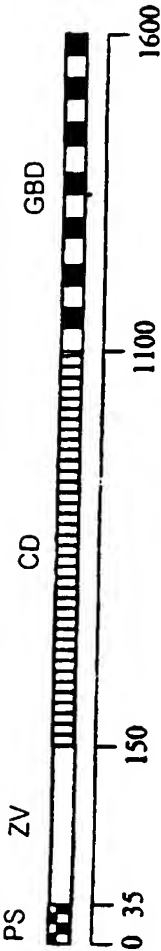
 - une étape de criblage des hôtes exprimant une enzyme apte à former plus de 30 % de liaison $\alpha(1 \rightarrow 2)$ sur un substrat approprié,

 - une étape d'isolement du ou des gènes améliorés.

24. Glycosyltransférase apte à former au moins 30 % de liaison $\alpha(1 \rightarrow 2)$ susceptible d'être obtenue par un procédé selon l'une des revendications 19 à 22.

5 25. Utilisation d'une glycosyltransférase obtenue par un procédé selon l'une des revendications 19 à 22 dans la fabrication d'une composition à effet prébiotique.

10 26. Utilisation d'une glycosyltransférase obtenue par un procédé selon l'une des revendications 19 à 23 dans la fabrication d'une composition pharmaceutique ou cosmétique.



a)

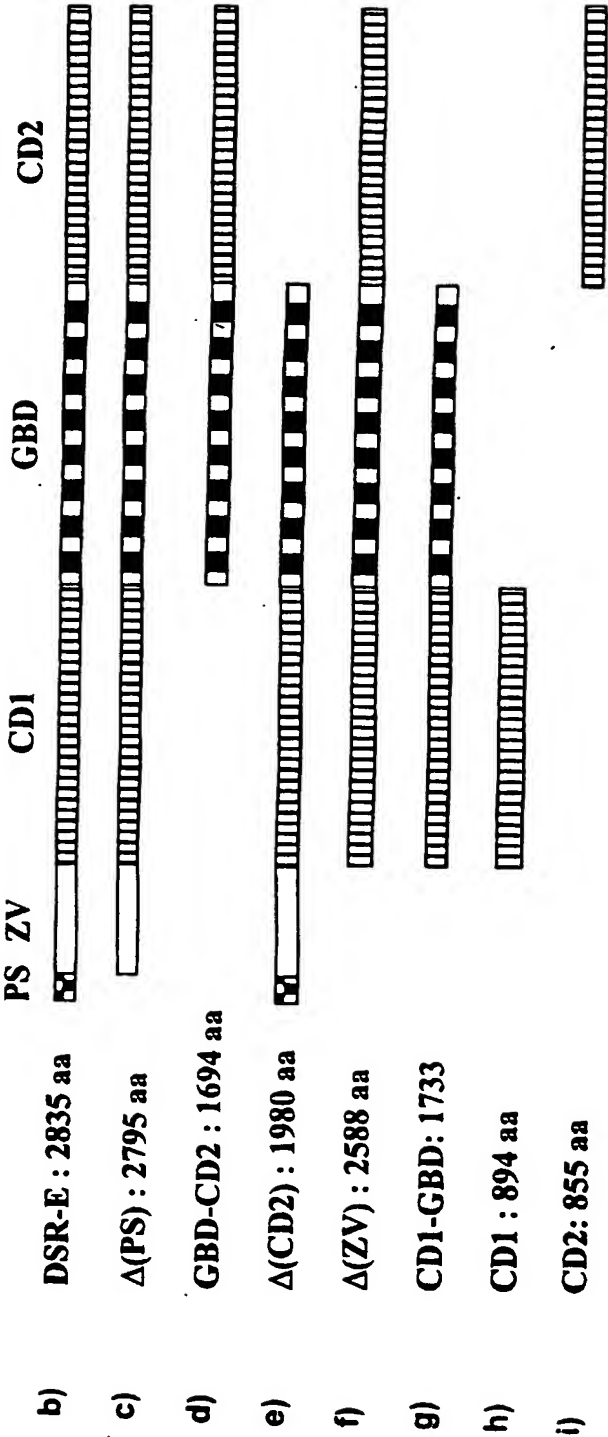


Fig. 1

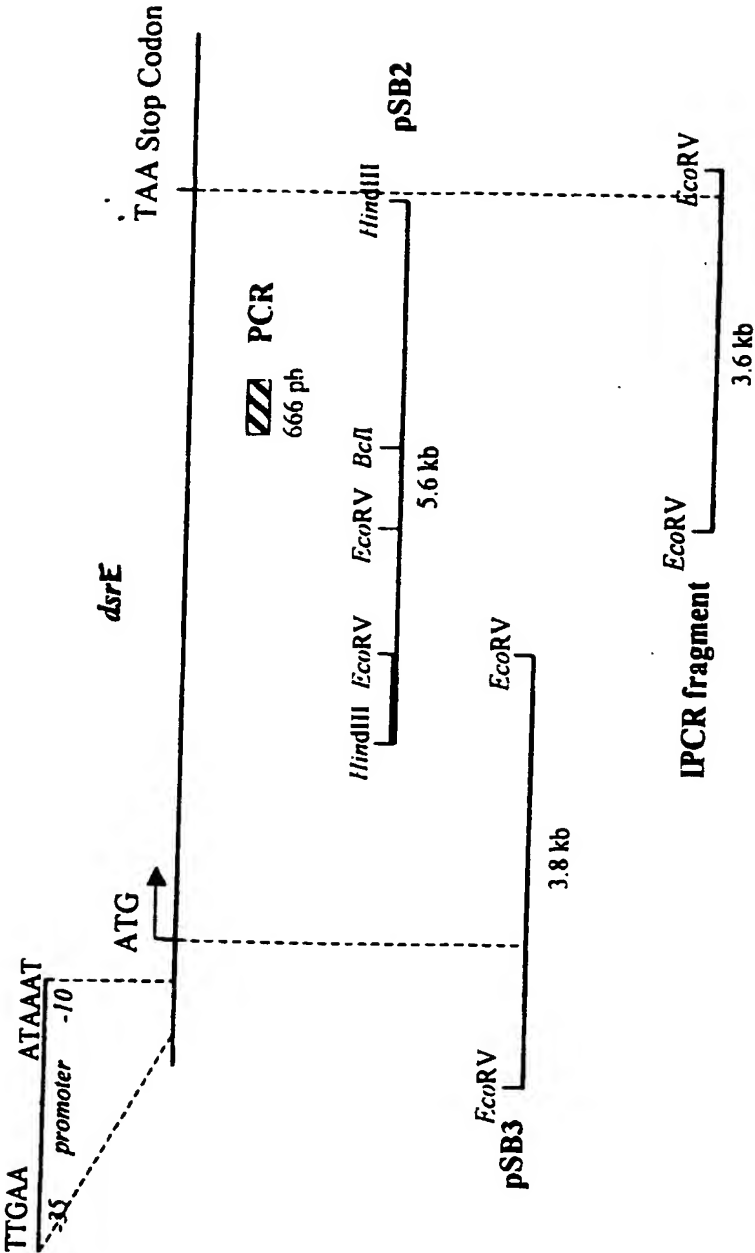


Fig. 2

DSR-E	MRDMRVICDRKKLYKSGKVLVTAG-IFALMFGVTTASVSA
DSR-B	MEMIKERNVRRKKLYKSGKSWVIGGLIISTIMLSMTATS---
DSR-S	-MPFTEKVNRRKKLYKVGKSWVVG---VCAFALTAS---
ASR	-MKQQETVTRKK-YKSGKVWVAATAFAVLGVSTVTTVHA-

Fig. 3

3/6

73 AAKVVAVATTP-AT
86 PVADKTVSA
95 PAADKAVDTSSTT
109 PATDKAVDTP-TT
122 PAADKAVDTP-TT
135 PAADKAVDTP-TT
148 PAANKAVDTP-AT
161 AATDKAV-ATP-AT
173 PAADKLANTT--AT
185 ---DKAVATTP-AT
196 PVANKAA
PAADKAVDTP-A/T ← Proposed consensus sequence for S repeat

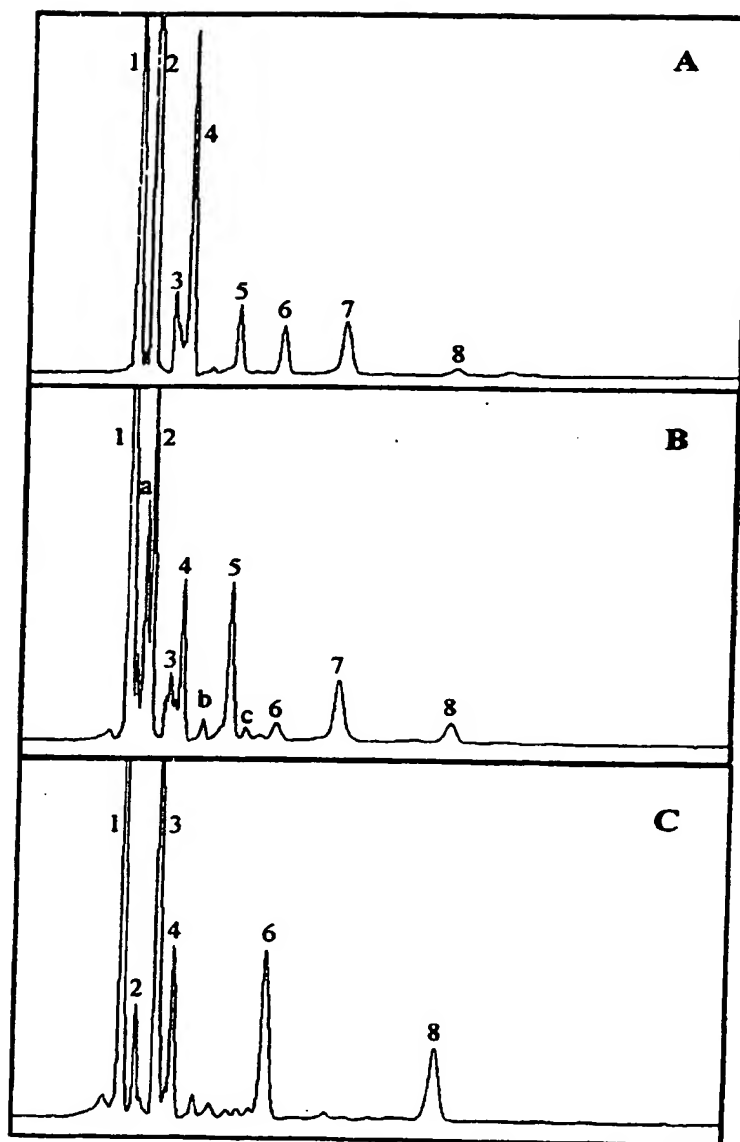
Fig. 4

Fig. 5

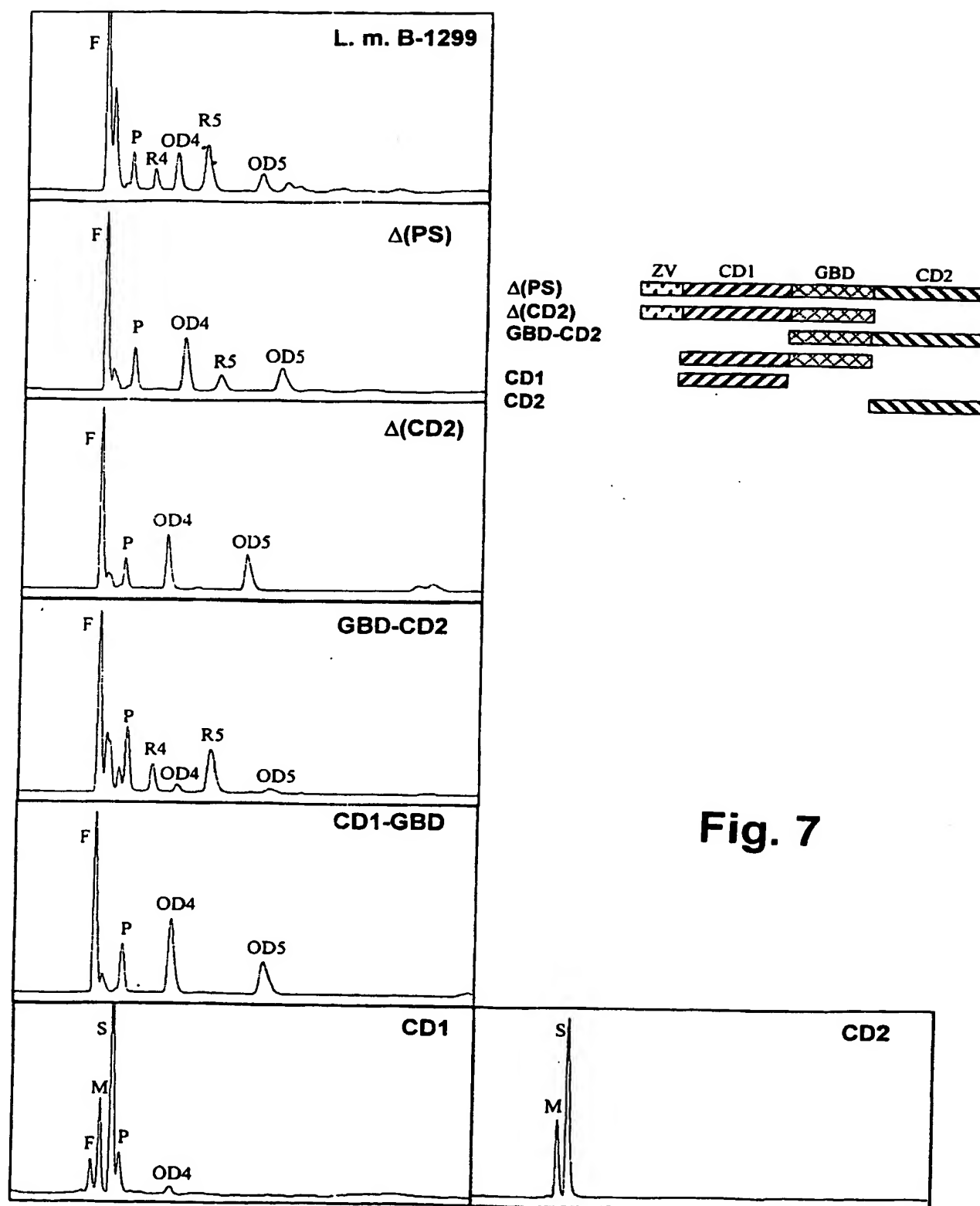
A		B		C		D		E		F	
GTfB	341	SAWNSDSEK----	PFDDHLQ	402	GGYELLANDVDNSNPVQAEQLN						
GTfI	341	PQWNGESEK----	PYDDHLQ	404	GGYELLANDVDNSNPVQAEQLN						
GTfS	327	NQWSIASENETVYPNQDHMQG		388	AGYELLANDVDNSNPVQAEQLN						
dsrS	444	PQWNETSED----	MSNDHLQ	502	GGFELLANDVDNSNPVQAEQLN						
dsrA	181	PWNWIDSEA----	KGDDHLQ	237	GGFELLANDVDNSNPVQAEQLN						
dsrB	426	PQWNMSSED----	PKNDHLQ	484	GGFELLANDVDNSNPVQSEQLN						
asr	525	ANWNKQTEDEAF-DGLQWLQ		585	KGSEFLLANDIDNSNPVQAEQLN						
CD1	423	ANWNIDSES----	KGNDHLQ	478	GGYEMLLANDVDNSNPVQAEQLN						
CD2	2120	FIWNKDSYHG--GGDAWFQ		2161	NAFDPELLANDVDNSNPVQAEQLN						
		*. : *	:. : *		. : : : : : : : : : : : : : : : *						
GTfB	443	ANFDSIRVDAVDNVDAADLLQI		484	HLSILEAWSND	555	YSFIRAHDSVQDLI	928	DWVPDQMY		
GTfI	445	ANFDSIRVDAVDNVDAADLLQI		486	HVSIVEAWSND	557	YSFIRAHDSVQDLI	932	DWVPDQMY		
GTfS	429	ANFDGVRVDAVDNVNADLLQI		470	HLSILEAWSND	540	YVFIRAHDSVQTRI	915	DLVPNQIY		
dsrS	543	ANFDGIRVDAVDNVDAADLLQI		584	HLSILEDWSHND	655	YSFVRAHDSVQTVI	1024	DWVPDQIY		
dsrA	278	ANFDGYRVDAVDNVDAADLLQI		319	IYQFWKTGEMKI	390	YSFIRAHDSVQTVI	765	DWVPDQIY		
dsrB	525	ANFDGIRVDAVDNVDAADLLQI		566	HLSILEDWSHND	637	YSFVRAHDSVQTVI	1005	DWVPDQIY		
asr	626	ANFDGIRVDAVDNVDAADLLKI		667	HLSILEDWSHND	759	YSFVRAHDYDAQDPI	1168	DWVPDQIY		
CD1	519	ANFDGYRVDAVDNVDAADLLQI		560	HISILEDWDND	631	YAFIRAHDSVQTVI	1014	DWVPDQIY		
CD2	2202	ANFDSIRIDAVIDFIHNDTIQR		2243	HISLVEAG----	2315	YSIIHAHDKGVDKVI	2689	DVVDNQVY		
		****. * : : : : *	:. : : : *		. : : : : : : : : : : : : : : *						

5/6

Fig. 6



6/6



LISTE DE SEQUENCES

<110> Centre National de la Recherche Scientifique

<120> MOLECULE D'ACIDES NUCLEIQUES CODANT UNE
DEXTRANE-SACCHARASE CATALYSANT LA SYNTHÈSE DE DEXTRANE
PORTANT DES RAMIFICATIONS DE TYPE ALPHA-1,2 OSIDIQUES

<130> B4787A (INPI) CNRS/INSA TOULOUSE

<140> xxxxxxxx

<141> 2001-12-19

<150> 0103631

<151> 2001-03-16 .

<160> 17

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 855

<212> PRT

<213> Acides aminés (domaine catalytique n° 2)

<400> 1

Asp	Met	Ser	Thr	Asn	Ala	Phe	Ser	Thr	Lys	Asn	Val	Ala	Phe	Asn	His
1				5					10					15	

Asp	Ser	Ser	Ser	Phe	Asp	His	Thr	Val	Asp	Gly	Phe	Leu	Thr	Ala	Asp
			20					25					30		

Thr	Trp	Tyr	Arg	Pro	Lys	Ser	Ile	Leu	Ala	Asn	Gly	Thr	Thr	Trp	Arg
		35					40					45			

Asp	Ser	Thr	Asp	Lys	Asp	Met	Arg	Pro	Leu	Ile	Thr	Val	Trp	Trp	Pro
50						55					60				

Asn	Lys	Asn	Val	Gln	Val	Asn	Tyr	Leu	Asn	Phe	Met	Lys	Ala	Asn	Gly
65				70						75					80

Leu	Leu	Thr	Thr	Ala	Ala	Gln	Tyr	Thr	Leu	His	Ser	Asp	Gln	Tyr	Asp
				85					90					95	

Leu	Asn	Gln	Ala	Ala	Gln	Asp	Val	Gln	Val	Ala	Ile	Glu	Arg	Arg	Ile
			100					105					110		

Ala	Ser	Glu	His	Gly	Thr	Asp	Trp	Leu	Gln	Lys	Leu	Leu	Phe	Glu	Ser
		115					120					125			

Gln	Asn	Asn	Asn	Pro	Ser	Phe	Val	Lys	Gln	Gln	Phe	Ile	Trp	Asn	Lys
	130					135					140				

Asp	Ser	Glu	Tyr	His	Gly	Gly	Gly	Asp	Ala	Trp	Phe	Gln	Gly	Gly	Tyr
145					150					155					160

Leu Lys Tyr Gly Asn Asn Pro Leu Thr Pro Thr Thr Asn Ser Asp Tyr
 165 170 175
 Arg Gln Pro Gly Asn Ala Phe Asp Phe Leu Leu Ala Asn Asp Val Asp
 180 185 190
 Asn Ser Asn Pro Val Val Gln Ala Glu Asn Leu Asn Trp Leu His Tyr
 195 200 205
 Leu Met Asn Phe Gly Thr Ile Thr Ala Gly Gln Asp Asp Ala Asn Phe
 210 215 220
 Asp Ser Ile Arg Ile Asp Ala Val Asp Phe Ile His Asn Asp Thr Ile
 225 230 235 240
 Gln Arg Thr Tyr Asp Tyr Leu Arg Asp Ala Tyr Gln Val Gln Gln Ser
 245 250 255
 Glu Ala Lys Ala Asn Gln His Ile Ser Leu Val Glu Ala Gly Leu Asp
 260 265 270
 Ala Gly Thr Ser Thr Ile His Asn Asp Ala Leu Ile Glu Ser Asn Leu
 275 280 285
 Arg Glu Ala Ala Thr Leu Ser Leu Thr Asn Glu Pro Gly Lys Asn Lys
 290 295 300
 Pro Leu Thr Asn Met Leu Gln Asp Val Asp Gly Gly Thr Leu Ile Thr
 305 310 315 320
 Asp His Thr Gln Asn Ser Thr Glu Asn Gln Ala Thr Pro Asn Tyr Ser
 325 330 335
 Ile Ile His Ala His Asp Lys Gly Val Gln Glu Lys Val Gly Ala Ala
 340 345 350
 Ile Thr Asp Ala Thr Gly Ala Asp Trp Thr Asn Phe Thr Asp Glu Gln
 355 360 365
 Leu Lys Ala Gly Leu Glu Leu Phe Tyr Lys Asp Gln Arg Ala Thr Asn
 370 375 380
 Lys Lys Tyr Asn Ser Tyr Asn Ile Pro Ser Ile Tyr Ala Leu Met Leu
 385 390 395 400
 Thr Asn Lys Asp Thr Val Pro Arg Met Tyr Tyr Gly Asp Met Tyr Gln
 405 410 415
 Asp Asp Gly Gln Tyr Met Ala Asn Lys Ser Ile Tyr Tyr Asp Ala Leu
 420 425 430
 Val Ser Leu Met Thr Ala Arg Lys Ser Tyr Val Ser Gly Gly Gln Thr
 435 440 445
 Met Ser Val Asp Asn His Gly Leu Leu Lys Ser Val Arg Phe Gly Lys
 450 455 460
 Asp Ala Met Thr Ala Asn Asp Leu Gly Thr Ser Ala Thr Arg Thr Glu
 465 470 475 480

Gly Leu Gly Val Ile Ile Gly Asn Asp Pro Lys Leu Gln Leu Asn Asp
 485 490 495
 Ser Asp Lys Val Thr Leu Asp Met Gly Ala Ala His Lys Asn Gln Lys
 500 505 510
 Tyr Arg Ala Val Ile Leu Thr Thr Arg Asp Gly Leu Ala Thr Phe Asn
 515 520 525
 Ser Asp Gln Ala Pro Thr Ala Trp Thr Asn Asp Gln Gly Thr Leu Thr
 530 535 540
 Phe Ser Asn Gln Glu Ile Asn Gly Gln Asp Asn Thr Gln Ile Arg Gly
 545 550 555 560
 Val Ala Asn Pro Gln Val Ser Gly Tyr Leu Ala Val Trp Val Pro Val
 565 570 575
 Gly Ala Ser Asp Asn Gln Asp Ala Arg Thr Ala Ala Thr Thr Thr Glu
 580 585 590
 Asn His Asp Gly Lys Val Leu His Ser Asn Ala Ala Leu Asp Ser Asn
 595 600 605
 Leu Ile Tyr Glu Gly Phe Ser Asn Phe Gln Pro Lys Ala Thr Thr His
 610 615 620
 Asp Glu Leu Thr Asn Val Val Ile Ala Lys Asn Ala Asp Val Phe Asn
 625 630 635 640
 Asn Trp Gly Ile Thr Ser Phe Glu Met Ala Pro Gln Tyr Arg Ser Ser
 645 650 655
 Gly Asp His Thr Phe Leu Asp Ser Thr Ile Asp Asn Gly Tyr Ala Phe
 660 665 670
 Thr Asp Arg Tyr Asp Leu Gly Phe Asn Thr Pro Thr Lys Tyr Gly Thr
 675 680 685
 Asp Gly Asp Leu Arg Ala Thr Ile Gln Ala Leu His His Ala Asn Met
 690 695 700
 Gln Val Met Ala Asp Val Val Asp Asn Gln Val Tyr Asn Leu Pro Gly
 705 710 715 720
 Lys Glu Val Val Ser Ala Thr Arg Ala Gly Val Tyr Gly Asn Asp Asp
 725 730 735
 Ala Thr Gly Phe Gly Thr Gln Leu Tyr Val Thr Asn Ser Val Gly Gly
 740 745 750
 Gly Gln Tyr Gln Glu Lys Tyr Ala Gly Gln Tyr Leu Glu Ala Leu Lys
 755 760 765
 Ala Lys Tyr Pro Asp Leu Phe Glu Gly Lys Ala Tyr Asp Tyr Trp Tyr
 770 775 780
 Lys Asn Tyr Ala Asn Asp Gly Ser Asn Pro Tyr Tyr Thr Leu Ser His
 785 790 795 800

```
<210> 2
<211> 2835
<212> PRT
<213> Acides aminés (protéine complète DSR-E)
```

4

Val Ser Thr Thr Gln Lys Ser Thr Asp Asn Gln Gln Val Lys Ser Thr
 225 230 235 240
 Glu Thr Ser His Leu Gln Glu Ile Asn Gly Lys Thr Tyr Phe Leu Asp
 245 250 255
 Asp Asn Gly Gln Val Lys Lys Asn Phe Thr Ala Ile Ile Asp Gly Lys
 260 265 270
 Val Leu Tyr Phe Asp Lys Thr Ser Gly Glu Leu Thr Ala Asn Ala Pro
 275 280 285
 Gln Val Thr Lys Gly Leu Val Asn Ile Asp Asn Ala His Asn Ala Ala
 290 295 300
 His Asp Leu Thr Ala Asp Asn Phe Thr Asn Val Asp Gly Tyr Leu Thr
 305 310 315 320
 Ala Asn Ser Trp Tyr Arg Pro Lys Asp Ile Leu Lys Asn Gly Thr Thr
 325 330 335
 Trp Thr Pro Thr Thr Ala Glu Asp Phe Arg Pro Leu Leu Met Ser Trp
 340 345 350
 Trp Pro Asp Lys Asn Thr Gln Val Ala Tyr Leu Gln Tyr Met Gln Ser
 355 360 365
 Val Gly Met Leu Pro Asp Asp Val Lys Val Ser Asn Asp Asp Asn Met
 370 375 380
 Ser Thr Leu Thr Asp Ala Ala Met Thr Val Gln Lys Asn Ile Glu Ser
 385 390 395 400
 Arg Ile Gly Val Ser Gly Lys Thr Asp Trp Leu Lys Gln Asp Met Asn
 405 410 415
 Lys Leu Ile Asp Ser Gln Ala Asn Trp Asn Ile Asp Ser Glu Ser Lys
 420 425 430
 Gly Asn Asp His Leu Gln Gly Gly Ala Leu Leu Tyr Val Asn Asp Asp
 435 440 445
 Lys Thr Pro Asn Ala Asn Ser Asp Tyr Arg Leu Leu Asn Arg Thr Pro
 450 455 460
 Thr Asn Gln Thr Gly Gln Ile Thr Asp Pro Ser Lys Gln Gly Gly Tyr
 465 470 475 480
 Glu Met Leu Leu Ala Asn Asp Val Asp Asn Ser Asn Pro Val Val Gln
 485 490 495
 Ala Glu Gln Leu Asn Trp Leu His Tyr Met Met Asn Ile Gly Thr Ile
 500 505 510
 Ala Gln Asn Asp Pro Thr Ala Asn Phe Asp Gly Tyr Arg Val Asp Ala
 515 520 525
 Val Asp Asn Val Asp Ala Asp Leu Leu Gln Ile Ala Gly Asp Tyr Phe
 530 535 540

Lys Ala Ala Tyr Gly Thr Gly Lys Thr Glu Ala Asn Ala Asn Asn His
 545 550 555 560
 Ile Ser Ile Leu Glu Asp Trp Asp Asn Asn Asp Ser Ala Tyr Ile Lys
 565 570 575
 Ala His Gly Asn Asn Gln Leu Thr Met Asp Phe Pro Ala His Leu Ala
 580 585 590
 Leu Lys Tyr Ala Leu Asn Met Fro Leu Ala Ala Gln Ser Gly Leu Glu
 595 600 605
 Pro Leu Ile Asn Thr Ser Leu Val Lys Arg Gly Lys Asp Ala Thr Glu
 610 615 620
 Asn Glu Ala Gln Pro Asn Tyr Ala Phe Ile Arg Ala His Asp Ser Glu
 625 630 635 640
 Val Gln Thr Val Ile Ala Gln Ile Ile Lys Asp Lys Ile Asn Thr Lys
 645 650 655
 Ser Asp Gly Leu Thr Val Thr Pro Asp Glu Ile Lys Gln Ala Phe Thr
 660 665 670
 Ile Tyr Asn Ala Asp Glu Leu Lys Ala Asp Lys Glu Tyr Thr Ala Tyr
 675 680 685
 Asn Ile Pro Ala Ser Tyr Ala Val Leu Leu Thr Asn Lys Asp Thr Val
 690 695 700
 Pro Arg Val Tyr Tyr Gly Asp Leu Phe Ser Asp Asp Gly Gln Tyr Met
 705 710 715 720
 Ser Gln Lys Ser Pro Tyr Tyr Asp Ala Ile Thr Ser Leu Leu Lys Ser
 725 730 735
 Arg Ile Lys Tyr Val Ala Gly Gly Gln Ser Met Asn Met Thr Tyr Leu
 740 745 750
 His Glu Cys Phe Asp Pro Ala Lys Asn Glu Thr Lys Pro Gln Gly Val
 755 760 765
 Leu Thr Ser Val Arg Tyr Gly Lys Gly Ala Met Thr Ala Asp Asp Leu
 770 775 780
 Gly Asn Ser Asp Thr Arg Gln Gln Gly Ile Gly Leu Val Ile Asn Asn
 785 790 795 800
 Lys Pro Phe Leu Asn Leu Asn Asp Asp Glu Gln Ile Val Leu Asn Met
 805 810 815
 Gly Ala Ala His Lys Asn Gln Ala Tyr Arg Pro Leu Met Leu Thr Thr
 820 825 830
 Lys Ser Gly Leu Gln Ile Tyr Asp Lys Asp Ala Gly Ala Pro Val Val
 835 840 845
 Tyr Thr Asn Asp Ala Gly Gln Leu Ile Phe Lys Ser Asp Met Val Tyr
 850 855 860

Gly Val Ser Asn Pro Gln Val Ser Gly Tyr Phe Ala Ala Trp Val Pro
 865 870 875 880
 Val Gly Ala Ser Asp Ser Gln Asp Ala Arg Thr Gln Ser Ser Gln Ser
 885 890 895
 Glu Thr Lys Asp Gly Asp Val Tyr His Ser Asn Ala Ala Leu Asp Ser
 900 905 910
 Asn Val Ile Tyr Glu Gly Phe Ser Asn Phe Gln Ala Met Pro Glu Lys
 915 920 925
 Asn Asp Asp Phe Thr Asn Val Lys Ile Ala Gln Asn Ala Lys Leu Phe
 930 935 940
 Lys Asp Leu Gly Ile Thr Ser Phe Glu Leu Ala Pro Gln Tyr Arg Ser
 945 950 955 960
 Ser Thr Asp Asn Ser Phe Leu Asp Ser Val Ile Gln Asn Gly Tyr Ala
 965 970 975
 Phe Thr Asp Arg Tyr Asp Val Gly Tyr Asn Thr Pro Thr Lys Tyr Gly
 980 985 990
 Thr Val Asp Gln Leu Leu Asp Ser Leu Arg Ala Leu His Ala Gln Gly
 995 1000 1005
 Ile Gln Ala Ile Asn Asp Trp Val Pro Asp Gln Ile Tyr Asn Leu Pro
 1010 1015 1020
 Gly Glu Gln Ile Val Thr Ala Val Arg Thr Asn Gly Ser Gly Lys Tyr
 1025 1030 1035 1040
 Asp Tyr Asp Ser Val Ile Asn Asn Thr Leu Tyr Asp Ser Arg Thr Val
 1045 1050 1055
 Gly Gly Gly Glu Tyr Gln Glu Lys Phe Gly Gly Leu Phe Leu Asp Gln
 1060 1065 1070
 Leu Lys Lys Asp Tyr Pro Ser Leu Phe Glu Thr Lys Gln Ile Ser Thr
 1075 1080 1085
 Asn Gln Pro Met Asn Pro Asp Val Lys Ile Lys Glu Trp Ser Ala Lys
 1090 1095 1100
 Tyr Phe Asn Gly Ser Asn Ile Gln Gly Arg Gly Ala Trp Tyr Val Leu
 1105 1110 1115 1120
 Lys Asp Trp Ala Thr Asn Gln Tyr Phe Asn Val Ser Ser Asp Asn Gly
 1125 1130 1135
 Phe Leu Pro Lys Gln Leu Leu Gly Glu Lys Thr Ser Thr Gly Phe Ile
 1140 1145 1150
 Thr Glu Asn Gly Lys Thr Ser Phe Tyr Ser Thr Ser Gly Tyr Gln Ala
 1155 1160 1165
 Lys Asp Thr Phe Ile Gln Asp Gly Thr Asn Trp Tyr Tyr Phe Asp Asn
 1170 1175 1180

Ala Gly Tyr Met Leu Thr Gly Lys Gln Asn Ile His Asp Lys Asn Tyr
 1185 1190 1195 1200
 Tyr Phe Leu Pro Asn Gly Val Glu Leu Gln Asp Ala Tyr Leu Phe Asp
 1205 1210 1215
 Gly Asn Gln Glu Phe Tyr Tyr Asn Lys Ala Gly Glu Gln Val Met Asn
 1220 1225 1230
 Gln Tyr Tyr Gln Asp Ser Gln Asn Gln Trp His Tyr Phe Phe Glu Asn
 1235 1240 1245
 Gly Arg Met Ala Ile Gly Leu Thr Glu Val Pro Asn Ala Asp Gly Thr
 1250 1255 1260
 His Val Thr Gln Tyr Phe Asp Ala Asn Gly Val Gln Ile Lys Gly Thr
 1265 1270 1275 1280
 Ala Ile Lys Asp Gln Asn Asn Gln Leu Arg Tyr Phe Asp Glu Ala Thr
 1285 1290 1295
 Gly Asn Met Val Val Asn Ser Trp Gly Gln Leu Ala Asp Lys Ser Trp
 1300 1305 1310
 Leu Tyr Leu Asn Ala Gln Gly Val Ala Val Thr Gly Asn Gln Lys Ile
 1315 1320 1325
 Asp Gly Glu Glu Tyr Tyr Phe Asn Ala Asp Gly Lys Gln Val Lys Gly
 1330 1335 1340
 Asn Ala Ile Ile Asp Asn Asn Gly Asp Gln Arg Tyr Tyr Asp Gly Asp
 1345 1350 1355 1360
 Lys Gly Val Met Val Val Asn Ser Trp Gly Glu Leu Pro Asp Gly Ser
 1365 1370 1375
 Trp Leu Tyr Leu Asn Asp Lys Gly Ile Ala Val Thr Gly Arg Gln Val
 1380 1385 1390
 Ile Asn Asn Gln Val Asn Phe Phe Gly Asn Asp Gly Lys Gln Ile Lys
 1395 1400 1405
 Asp Ala Phe Lys Leu Leu Ser Asp Gly Ser Trp Val Tyr Leu Asp Asp
 1410 1415 1420
 Lys Gly Leu Ile Thr Thr Gly Ala Lys Val Ile Asn Gly Leu Asn Met
 1425 1430 1435 1440
 Phe Phe Asp Lys Asp Gly His Gln Ile Lys Gly Asp Ala Ser Thr Asp
 1445 1450 1455
 Ala Asn Gly Lys Arg His Tyr Tyr Asp Lys Asn Asp Gly His Leu Val
 1460 1465 1470
 Thr Asn Ser Trp Gly Glu Leu Pro Asp Gly Ser Trp Leu Tyr Leu Glu
 1475 1480 1485
 Glu Gln Gly Asp Ala Val Thr Gly Gln Arg Val Ile Asp Gly Lys Thr
 1490 1495 1500

Arg Tyr Phe Asp Glu Asp Gly Lys Gln Ile Lys Asn Ser Leu Lys Thr
 1505 1510 1515 1520
 Leu Ala Asn Gly Asp Lys Ile Tyr Leu Asp Gly Asp Gly Val Ala Ala
 1525 1530 1535
 Thr Gly Leu Gln His Val Gly Asp Lys Ile Met Tyr Phe Asp Glu Asp
 1540 1545 1550
 Gly Lys Gln Val Val Gly Lys Phe Val Ser Ala Lys Asp Gly Ser Trp
 1555 1560 1565
 Tyr Tyr Leu Asn Gln Asp Gly Val Ala Ala Val Gly Pro Ser Ser Ile
 1570 1575 1580
 Asn Gly Gln Ser Leu Tyr Phe Asp Gln Asp Gly Lys Gln Val Lys Tyr
 1585 1590 1595 1600
 Asn Glu Val Arg Asn Ser Asp Gly Thr Thr Asn Tyr Tyr Thr Gly Leu
 1605 1610 1615
 Thr Gly Glu Lys Leu Thr Gln Asp Phe Gly Glu Leu Pro Asp Gly Ser
 1620 1625 1630
 Trp Ile Tyr Leu Asp Ala Gln Gly His Thr Val Thr Gly Ala Gln Ile
 1635 1640 1645
 Ile Asn Gly Gln Asn Leu Tyr Phe Lys Ala Asp Gly Gln Gln Val Lys
 1650 1655 1660
 Gly His Ala Tyr Thr Asp Gln Leu Gly His Met Arg Phe Tyr Asp Pro
 1665 1670 1675 1680
 Asp Ser Gly Asp Met Leu Ser Asn Arg Phe Glu Gln Ile Thr Pro Gly
 1685 1690 1695
 Val Trp Ala Tyr Phe Gly Ala Asp Gly Val Ala Ile Thr Gly Gln His
 1700 1705 1710
 Asp Ile Asn Gly Gln Lys Leu Phe Phe Asp Glu Thr Gly Tyr Gln Val
 1715 1720 1725
 Lys Gly Ser Gln Arg Thr Ile Asp Gly Thr Leu Tyr Ser Phe Asp Ser
 1730 1735 1740
 Gln Thr Gly Asn Gln Lys Arg Val Gln Thr Thr Leu Leu Pro Gln Ala
 1745 1750 1755 1760
 Gly His Tyr Ile Thr Lys Asn Gly Asn Asp Trp Gln Tyr Asp Thr Asn
 1765 1770 1775
 Gly Glu Leu Ala Lys Gly Leu Arg Gln Asp Ser Asn Gly Lys Leu Arg
 1780 1785 1790
 Tyr Phe Asp Leu Thr Thr Gly Ile Gln Ala Lys Gly Gln Phe Val Thr
 1795 1800 1805
 Ile Gly Gln Glu Thr Tyr Tyr Phe Ser Lys Asp His Gly Asp Ala Gln
 1810 1815 1820

Leu Leu Pro Met Val Thr Glu Gly His Tyr Gly Thr Ile Thr Leu Lys
 1825 1830 1835 1840
 Gln Gly Gln Asp Thr Lys Thr Ala Trp Val Tyr Arg Asp Gln Asn Asn
 1845 1850 1855
 Thr Ile Leu Lys Gly Leu Gln Asn Ile Asn Gly Thr Leu Gln Phe Phe
 1860 1865 1870
 Asp Pro Tyr Thr Gly Glu Gln Leu Lys Gly Gly Val Ala Lys Tyr Asp
 1875 1880 1885
 Asp Lys Leu Phe Tyr Phe Glu Ser Gly Lys Gly Asn Leu Val Ser Thr
 1890 1895 1900
 Val Ala Gly Asp Tyr Gln Asp Gly His Tyr Ile Ser Gln Asp Gly Gln
 1905 1910 1915 1920
 Thr Arg Tyr Ala Asp Lys Gln Asn Gln Leu Val Lys Gly Leu Val Thr
 1925 1930 1935
 Val Asn Gly Ala Leu Gln Tyr Phe Asp Asn Ala Thr Gly Asn Gln Ile
 1940 1945 1950
 Lys Asn Gln Gln Val Ile Val Asp Gly Lys Thr Tyr Tyr Phe Asp Asp
 1955 1960 1965
 Lys Gly Asn Gly Glu Tyr Leu Phe Thr Asn Thr Leu Asp Met Ser Thr
 1970 1975 1980
 Asn Ala Phe Ser Thr Lys Asn Val Ala Phe Asn His Asp Ser Ser Ser
 1985 1990 1995 2000
 Phe Asp His Thr Val Asp Gly Phe Leu Thr Ala Asp Thr Trp Tyr Arg
 2005 2010 2015
 Pro Lys Ser Ile Leu Ala Asn Gly Thr Thr Trp Arg Asp Ser Thr Asp
 2020 2025 2030
 Lys Asp Met Arg Pro Leu Ile Thr Val Trp Trp Pro Asn Lys Asn Val
 2035 2040 2045
 Gln Val Asn Tyr Leu Asn Phe Met Lys Ala Asn Gly Leu Leu Thr Thr
 2050 2055 2060
 Ala Ala Gln Tyr Thr Leu His Ser Asp Gln Tyr Asp Leu Asn Gln Ala
 2065 2070 2075 2080
 Ala Gln Asp Val Gln Val Ala Ile Glu Arg Arg Ile Ala Ser Glu His
 2085 2090 2095
 Gly Thr Asp Trp Leu Gln Lys Leu Leu Phe Glu Ser Gln Asn Asn Asn
 2100 2105 2110
 Pro Ser Phe Val Lys Gln Gln Phe Ile Trp Asn Lys Asp Ser Glu Tyr
 2115 2120 2125
 His Gly Gly Gly Asp Ala Trp Phe Gln Gly Gly Tyr Leu Lys Tyr Gly
 2130 2135 2140

Asn Asn Pro Leu Thr Pro Thr Thr Asn Ser Asp Tyr Arg Gln Pro Gly
 2145 2150 2155 2160
 Asn Ala Phe Asp Phe Leu Leu Ala Asn Asp Val Asp Asn Ser Asn Pro
 2165 2170 2175
 Val Val Gln Ala Glu Asn Leu Asn Trp Leu His Tyr Leu Met Asn Phe
 2180 2185 2190
 Gly Thr Ile Thr Ala Gly Gln Asp Asp Ala Asn Phe Asp Ser Ile Arg
 2195 2200 2205
 Ile Asp Ala Val Asp Phe Ile His Asn Asp Thr Ile Gln Arg Thr Tyr
 2210 2215 2220
 Asp Tyr Leu Arg Asp Ala Tyr Gln Val Gln Gln Ser Glu Ala Lys Ala
 2225 2230 2235 2240
 Asn Gln His Ile Ser Leu Val Glu Ala Gly Leu Asp Ala Gly Thr Ser
 2245 2250 2255
 Thr Ile His Asn Asp Ala Leu Ile Glu Ser Asn Leu Arg Glu Ala Ala
 2260 2265 2270
 Thr Leu Ser Leu Thr Asn Glu Pro Gly Lys Asn Lys Pro Leu Thr Asn
 2275 2280 2285
 Met Leu Gln Asp Val Asp Gly Gly Thr Leu Ile Thr Asp His Thr Gln
 2290 2295 2300
 Asn Ser Thr Glu Asn Gln Ala Thr Pro Asn Tyr Ser Ile Ile His Ala
 2305 2310 2315 2320
 His Asp Lys Gly Val Gln Glu Lys Val Gly Ala Ala Ile Thr Asp Ala
 2325 2330 2335
 Thr Gly Ala Asp Trp Thr Asn Phe Thr Asp Glu Gln Leu Lys Ala Gly
 2340 2345 2350
 Leu Glu Leu Phe Tyr Lys Asp Gln Arg Ala Thr Asn Lys Lys Tyr Asn
 2355 2360 2365
 Ser Tyr Asn Ile Pro Ser Ile Tyr Ala Leu Met Leu Thr Asn Lys Asp
 2370 2375 2380
 Thr Val Pro Arg Met Tyr Tyr Gly Asp Met Tyr Gln Asp Asp Gly Gln
 2385 2390 2395 2400
 Tyr Met Ala Asn Lys Ser Ile Tyr Tyr Asp Ala Leu Val Ser Leu Met
 2405 2410 2415
 Thr Ala Arg Lys Ser Tyr Val Ser Gly Gly Gln Thr Met Ser Val Asp
 2420 2425 2430
 Asn His Gly Leu Leu Lys Ser Val Arg Phe Gly Lys Asp Ala Met Thr
 2435 2440 2445
 Ala Asn Asp Leu Gly Thr Ser Ala Thr Arg Thr Glu Gly Leu Gly Val
 2450 2455 2460

Ile Ile Gly Asn Asp Pro Lys Leu Gln Leu Asn Asp Ser Asp Lys Val
 2465 2470 2475 2480
 Thr Leu Asp Met Gly Ala Ala His Lys Asn Gln Lys Tyr Arg Ala Val
 2485 2490 2495
 Ile Leu Thr Thr Arg Asp Gly Leu Ala Thr Phe Asn Ser Asp Gln Ala
 2500 2505 2510
 Pro Thr Ala Trp Thr Asn Asp Gln Gly Thr Leu Thr Phe Ser Asn Gln
 2515 2520 2525
 Glu Ile Asn Gly Gln Asp Asn Thr Gln Ile Arg Gly Val Ala Asn Pro
 2530 2535 2540
 Gln Val Ser Gly Tyr Leu Ala Val Trp Val Pro Val Gly Ala Ser Asp
 2545 2550 2555 2560
 Asn Gln Asp Ala Arg Thr Ala Ala Thr Thr Thr Glu Asn His Asp Gly
 2565 2570 2575
 Lys Val Leu His Ser Asn Ala Ala Leu Asp Ser Asn Leu Ile Tyr Glu
 2580 2585 2590
 Gly Phe Ser Asn Phe Gln Pro Lys Ala Thr Thr His Asp Glu Leu Thr
 2595 2600 2605
 Asn Val Val Ile Ala Lys Asn Ala Asp Val Phe Asn Asn Trp Gly Ile
 2610 2615 2620
 Thr Ser Phe Glu Met Ala Pro Gln Tyr Arg Ser Ser Gly Asp His Thr
 2625 2630 2635 2640
 Phe Leu Asp Ser Thr Ile Asp Asn Gly Tyr Ala Phe Thr Asp Arg Tyr
 2645 2650 2655
 Asp Leu Gly Phe Asn Thr Pro Thr Lys Tyr Gly Thr Asp Gly Asp Leu
 2660 2665 2670
 Arg Ala Thr Ile Gln Ala Leu His His Ala Asn Met Gln Val Met Ala
 2675 2680 2685
 Asp Val Val Asp Asn Gln Val Tyr Asn Leu Pro Gly Lys Glu Val Val
 2690 2695 2700
 Ser Ala Thr Arg Ala Gly Val Tyr Gly Asn Asp Asp Ala Thr Gly Phe
 2705 2710 2715 2720
 Gly Thr Gln Leu Tyr Val Thr Asn Ser Val Gly Gly Gly Gln Tyr Gln
 2725 2730 2735
 Glu Lys Tyr Ala Gly Gln Tyr Leu Glu Ala Leu Lys Ala Lys Tyr Pro
 2740 2745 2750
 Asp Leu Phe Glu Gly Lys Ala Tyr Asp Tyr Trp Tyr Lys Asn Tyr Ala
 2755 2760 2765
 Asn Asp Gly Ser Asn Pro Tyr Tyr Thr Leu Ser His Gly Asp Arg Glu
 2770 2775 2780

Ser Ile Pro Ala Asp Val Ala Ile Lys Gln Trp Ser Ala Lys Tyr Met
2785 2790 2795 2800

Asn Gly Thr Asn Val Leu Gly Asn Gly Met Gly Tyr Val Leu Lys Asp
2805 2810 2815

Trp His Asn Gly Gln Tyr Phe Lys Leu Asp Gly Asp Lys Ser Thr Leu
2820 2825 2830

Pro Gln Ile
2835

<210> 3
<211> 2568
<212> ADN
<213> Nucléotides (domaine catalytique n° 2)

<400> 3
gatatgtcta ctaatgcttt ttctaccaa aatgttgcatt tcaatcatga cagtagcagt 60
ttcgaccata ctgttgatgg cttcttgaag gcagatactt ggtatcgacc aaagtcaatt 120
ttggctaacg ggacaacttg gcgtgattcg actgataagg atatgcgacc attaatact 180
gttttgggtggc caaataagaa tgttcaagtc aactacctca acttcatgaa agcaaattggc 240
ttgtttgacaa cagcagcaca atacacacta cattcagatc aatatgattt gaaccaagct 300
gcacaagatg ttcaagtggc cattgaaagg cgcattgcgt cagagcatgg cacagactgg 360
ttacagaaat tgttgtttga atcacaaaat aataacccat catttgtgaa gcaacaattc 420
atattggaaca aggattctga atatcatggt ggtggtgatg cttggttcca aggtggttat 480
ctgaagtatg gcaataaccc actcacacca acaactaatt ctgattatcg tcaacctggt 540
aatgcatttg atttcttgct agccaacgac gtggataatt ctaatcctgt tgtgcaagct 600
gaaaacttaa actggttaca ttacttaatg aactttggca ccatcactgc gggtaagat 660
gacgctaatt ttgatagtat tcgtattgac gctgtcgact ttattcataa tgatacaatc 720
caacgtactt atgattatct tcgtgatgct tatcaagtgc aacaaagtga agccaaagca 780
aaccagcaca ttccattgggt tgaagctggc ttgacgcag gtacatcaac gattcataat 840
gatgcgttaa ttgagtcaaa cctccgtgaa gcagcgacat tgtcgttaac aaatgaacct 900
ggtaaaaata aaccattgac gaatatgcta caagacgttg acggcgttac gcttatcacc 960
gaccatacgc agaatagtac agaaaatcag gcgacaccaa actattcaat tattcacgcg 1020
cacgataaag gtgtgcaaga aaaagtaggt gcagccatta ctgatgctac tgggtgctgat 1080
tggacgaact ttacagatga acagttaaaa gccggattag agctattcta taaggatcag 1140
cgcgcaacaa acaaaaagta taatagttat aacataccaa gtatttatgc cctgatgttg 1200
acaaacaaag atactgttcc tcgtatgtat tatggggata tgtatcaaga tgacggacag 1260
tatattggcaa acaagagtat ctactatgat gccttagtgt cattaatgac ggctcgtaaa 1320
agctatgtca gcggtgtgca aactatgagt gttgacatc atgggtttgtt gaagagtgtc 1380
cgttttggaa aagatgcgat gacagctaat gatttaggta catcagctac gcgtactgag 1440
ggctcttggtg tcattatttg taatgatcca aagttgcaac ttaatgattc ggataaagtg 1500
acactggata tgggtgcagc acataaaaaat caaaagtatc gcgcagttat cttacaaca 1560
cgtgatgggt tggcaacctt taattcagat caagcaccaa cagcttgac aaacgatcaa 1620
ggaacgttaa cattctcaaa tcaagagatt aacgggcaag acaatacaca aattcgtggt 1680
gttgctaatt cgcaagtttc tggttatcta gctgtttggg tgcctgtggg tgcacagac 1740
aatcaagatg cccgtacagc agcaacgaca acagaaaatc atgatggtaa agtattacac 1800
tcgaatgcgg cattagattc taaccttatt tatgaagggt tctctaactt ccaacctaa 1860
gcaacaacgc atgatgaact tacgaacgtt gtaattgcta aaaatgccga tgtcttcaat 1920
aattggggta ttacgagttt tgaaatggca ccacagtacc gttcaagtgg ggaccataca 1980
ttcttggatt caacgattga taatggttat gccttactg atcgctatga cttaggtttc 2040
aatacaccaa caaagtatgg cactgatggt gatttgcgtg caacgattca agcgctacat 2100
catgctaata tgcaagttat ggctgacgtt gttgataacc aggtctataa cttacctggt 2160
aaagaagttg ttccagcaac acgagcaggt gtttatggta atgacgacgc cacgggcttt 2220
ggaacgcaac tctatgtgac taactccgtt ggtggtgggt aataccaaga gaaatatgct 2280
ggacaatact tagaagctct gaaagcaaat tatccagacc tctttgaggg taaggcctat 2340
gattattggt ataagaacta tgcaaatgat gggccaatc cttactatac attgtcacac 2400
ggtgaccgtg aatctatccc agcagatggt gctattaagc aatggtcagc taagtatatg 2460

aacggcacga	acgttttggg	caatggtatg	ggttatgtat	tgaaggattg	gcataatggt	2520
caatatattca	agcttgatgg	tgataaatca	acattacctc	aaatttaa		2568

<210> 4

<211> 8506

<212> ADN

<213> Séquence codant DSR-E

<400> 4

atgagagaca	tgagggtaat	ttgtgaccgt	aaaaaattgt	acaaatcggg	caaagtacta	60
gtaacagccg	gtatttttgc	tttgatgatg	tttggcgta	caactgctag	tgtagtgca	120
aatacgattg	cagttgacac	gaatcatagc	cgtacttcag	cacagattaa	taagagtgcc	180
gttgataagg	ttaatgatga	caagactact	ttaggagcgg	caaaagtagt	ggcagtagcc	240
acaacgccag	cgacaecggt	agcagataaa	acagtaagt	cacccgcagc	agataaggca	300
gtagatacaa	cgtcatcaac	gacacctgca	acggataaag	cagtagatac	aacgccaacg	360
acacctgcag	cgataaaggc	agtagataca	acgccaacga	cacctgcagc	agataaggca	420
gtagatacaa	cgccaacgac	acctgcagca	aataaagcag	tagatacaac	gccagcgacc	480
gctgcaacag	ataaggcggg	agccacgcca	gccacacctg	cagcagataa	gctagcaaat	540
acgacgcctg	caacggacaa	ggcagtagcc	acaacgccag	cgacgccggg	agcaaataaa	600
gcagcagaca	cgagtagtat	tcatgatcaa	ccattagata	caaagtgtgc	aactgataaa	660
tcagcaaacc	tcgtctcgac	aacacaaaaa	agtacggata	atcaacaagt	taagtctaca	720
gaaacatctc	atcttcaaga	aatcaacggg	aaaacctatt	ttcttgacga	caatgggcaa	780
gttaaaaaga	acttcaccgc	tattattgac	ggtaaagttc	tatactttga	taaaacatcc	840
ggcgaattga	ccgcaaatgc	accgcaagtt	actaagggat	tagtaaatat	tgataatgca	900
cataacgcgg	ctcatgatct	cacagctgat	aacttcacaa	atgtcgatgg	ttacttaaca	960
gctaacagtt	ggatctgccc	taaggacatc	ttaaaaaacg	gaacgacctg	gacaccaaca	1020
acagcagaag	atcttcgacc	attgtctcatg	tcttggtggc	cggataagaa	tacgcaggta	1080
gcttatctac	aatatatgca	atcagttggg	atgctacctg	acgatgttaa	agtatcaaat	1140
gatgataata	tgagcacatt	gactgatgct	gctatgactg	ttcaaaagaa	tatcgaatcg	1200
cgaattgggtg	tatctggaaa	aactgattgg	ctcaagcaag	atatgaacaa	actgattgat	1260
tcacaggcaa	attggaatat	tgatagtga	tcaaagggta	atgatcattt	acaggggtggg	1320
gcattgttat	atgtgaatga	tgacaaaaca	cctaacgcga	actcagatta	cgtctgttta	1380
aaccgtacac	caaccaacca	aaccggccaa	attactgatc	caagtaaaaa	aggtggatat	1440
gagatgttat	tagctaata	tggtgataat	tctaaccctg	ttgtacaagc	tgagcaattg	1500
aactggcttc	actacatgat	gaacattggg	actatagctc	agaacgaccc	aacagctaat	1560
tttgacgggt	atcgtgttga	tgcggttgat	aacgttgatg	ccgatctctt	acaaattgct	1620
gggtgattact	ttaaagctgc	atacgggtact	ggtaaaactg	aggcaaacgc	aaacaatcat	1680
atttcgatct	tggaagattg	ggataataat	gattctgcgt	acattaaagc	ccacgggaat	1740
aaccaattga	caatggattt	tccagcacac	ttggctttga	aatacgcctt	gaacatgcct	1800
cttgccgcac	aaagtggcct	agaaccgcta	attaatacaa	gtcttggtta	gcgtgggaaa	1860
gatgccacag	aaaatgaagc	acaaccaaac	tatgccttta	tccgtgccca	tgatagtga	1920
gtgcagaccg	tatttgaca	aattatttaag	gataaaaatta	acacaaaatc	agacggctta	1980
actgtaaacac	cagatgagat	taagcaagct	ttcactatct	acaacgccga	tgaattaaaa	2040
gcagataagg	aataacacag	atacaatatt	cctgcttctt	acgctgtatt	gttgacaaac	2100
aaggatactg	tgccacgtgt	ttattatggg	gatctatctt	ctgatgatgg	acagtatatg	2160
tcacagaagt	caccatacta	tgacgccatt	acgtcacttt	tgaaaagccg	tatcaaatat	2220
gttgctgggtg	gtcaaagtat	gaatatgacg	tacttgcatg	agtgccttga	tccagcaaaa	2280
aatgagacaa	agccacaagg	tgtcttaaca	tcagtacgtt	acggtaaagg	tgcatgacg	2340
gctgacgatt	tgggtaaatg	tgacacacgt	caacaaggta	ttggtttggg	gattaataat	2400
aagccattct	tgaatttaaa	tgatgatgaa	caaattgtgc	tcaatatggg	tgctgctcac	2460
aaaaatcaag	cttaccgacc	acttatgttg	acaacaaaat	ctggtcttca	aattttacgat	2520
aaggatgccg	gagcgccagt	tggtttatact	aacgatgctg	gtcaacttat	ttttaagtca	2580
gatatgggtc	atgggtgacg	caatccacag	gtatctgggt	atcttgctgc	atgggtacca	2640
gtcgggtcga	gtgatagtca	agatgctaga	acacaaagca	gccagtcaga	aactaaggat	2700
ggcgtatgct	atcattcaaa	tgctgcgctt	gattctaata	tgatttatga	aggcttctcg	2760
aattttcaag	caatgcctga	aaagaatgat	gacttcacca	acgtaaaaat	tgctcaaaaat	2820
gctaaattgt	ttaaagattt	agggattaca	agctttgaat	tagcaccgca	atatcgttca	2880
agtacagata	atagtttttt	ggattcgggt	atccaaaacg	gctatgcctt	tactgatcga	2940
tatgatgttg	gctataatac	gccacaacaa	tatgggtacag	ttgatcaact	tctagatagt	3000

ctaagagcat	tacacgcaca	aggatttcag	gctattaatg	actgggtacc	tgatcaaatt	3060
tataatttac	ctggcgaaca	aatcgtcacc	gcagttcgta	caaatggttc	aggtaagtac	3120
gattatgatt	cagtgattaa	taacacgctc	tatgattcac	gaacagttgg	ggcggcgaa	3180
taccaagaaa	agtttggtgg	cctgttctta	gaccagttga	aaaaagatta	tcctagcttg	3240
tttgaaacta	agcagatata	aacgaatcag	ccgatgaatc	cggatgttaa	aattaaagaa	3300
tgggtctgcaa	agtactttaa	tgggttcaaac	attcaagggtc	gtggcgcttg	gtatgtactt	3360
aaagactggg	caacaaatca	atatttcaat	gtgtctagtg	ataatggatt	cttgccataa	3420
cagttactgg	gtgaaaaaac	aagcaccggc	tttataacag	aaaatggtaa	gacttctttc	3480
tactcaacaa	gtgggttatca	agctaaagat	acctttattc	aagatggaac	aaattgggtat	3540
tactttgata	atgcaggcta	tatgttgaca	ggtaaacaaa	atatccacga	taaaaattat	3600
tattttcttac	ctaattgggtg	ggaacttcaa	gatgcttacc	tttttgatgg	taatcaagaa	3660
ttttactata	ataaagctgg	ggaacaagtt	atgaaccagt	attatcaaga	tagtcaaaat	3720
caatggcatt	atttctttga	aaatgggtcgc	atggcaattg	gcctgacaga	agttccgaac	3780
gctgatggca	cccatgttac	acaatatattt	gatgctaattg	gtgtccaaat	taaaggcaca	3840
gctataaaaag	atcagaataa	tcaattacgc	tattttgatg	aggccacagg	taatatgggtg	3900
gttaattcat	ggggaaggtt	agcagataag	tcttggtctt	accttaattgc	acaaggcgtt	3960
gctgtgactg	gtaaccataa	aattgatggg	gaagagtact	acttcaatgc	tgatggtaag	4020
caagttaaag	gcaatgcaat	catcgataat	aatgggtgatc	aacgttatta	tgatgggtgat	4080
aagggtgtca	tggtagttaa	ttcatggggg	gagttgccag	atgggtcatg	gttatatttg	4140
aatgacaaaag	gtattgctgt	aacaggccgt	caagtcatta	ataatcaagt	taatttcttt	4200
ggtaatgatg	gtaagcaaat	caaagatgcc	tttaaattat	tatccgatgg	ttcatgggtg	4260
tatttggtatg	ataagggcct	gataacaact	ggagccaaaag	ttatcaatgg	tctaaatatg	4320
ttttttgata	aagacgggtca	tcaaatcaaa	gggtgatgcca	gcacggatgc	caatggtaag	4380
cgccattatt	atgacaaaaa	tgatgggtcat	cttgtcacaa	attcatgggg	tgagttgcca	4440
gatggttcat	ggttatatct	agaagaacaa	gggtgatgctg	ttactgggtca	acgtgtgatt	4500
gatggcaaga	cacgtctatt	tgatgaagat	ggcaaacaaa	ttaaaaatag	cctaaaaacg	4560
ctggccaatg	gcgataagat	ttatcttgat	gggtgatgggg	ttgctgcaac	aggcttacaa	4620
catgtggggcg	ataaaatcat	gtattttgat	gaagatggca	aacaagttgt	tggcaagttt	4680
gtatcagcaa	aagatgggtc	atgggtattac	ttaaatcagg	atgggtgttg	cgcggttggt	4740
ccaagcagca	ttaatggaca	atcactttac	tttgatcaag	atggtaaaca	agttaaatat	4800
aatgaagtgc	gtaatagtga	tggacaacac	aactattaca	caggatatac	gggtgaaaag	4860
ttaacgcaag	acttcgggtga	actaccagat	gggttcatgga	tttatcttga	tgcgcaaggt	4920
catacagtaa	ctgggtgcaca	aatcatttaac	gggtcaaaatc	tttactttaa	ggctgacggc	4980
cagcaagtta	aaggtcatgc	ttatactgac	caattaggtc	atatgcgttt	ttatgatcct	5040
gattcagggtg	atatgttgag	taatcgcttt	gaacaaatca	cacctgggtg	atgggcttac	5100
tttggtgctg	atgggtgtggc	cataactgga	caacatgaca	taaattgggtca	gaagctattc	5160
tttgatgaga	caggatatca	agttaaagggt	tcgcaacgta	caatagatgg	tacgttatatc	5220
agcttcgatt	ctcaaaactgg	taacccaaaa	cgcgtacaga	caacattgtt	gccacaagca	5280
ggtcactata	tcacgaaaaa	tggtaacgat	tggcagtatg	ataccaatgg	tgaactagcg	5340
aagggtctgc	gtcaagatag	caatggtaag	ttgcgttact	ttgatttgac	aaccggcata	5400
caagcgaaaag	gccaattttgt	tacaattggc	caagaaaactt	attactttag	taaagatcac	5460
ggggatgcgc	agttattggc	aatgggtcact	gaagggcatt	acggtacaat	aacactcaag	5520
caaggtcaag	acaccaaaaac	agcctgggtt	taccgtgatc	aaaataatac	tattttgaag	5580
ggattgcaaa	atatcaatgg	cacgttgcaa	ttctttgatc	catatacagg	tgaacaactt	5640
aagggtggcg	tagcaaagta	tgacgacaag	ctcttttact	ttgaatcagg	taaaggtaat	5700
cttggttagca	ccgtagcagg	tgactatcag	gatgggtcatt	atatttccca	agatggccaa	5760
acacgttacg	cagataagca	aaatcagctt	gtaaagggac	ttgttactgt	taatggggca	5820
ttacaatact	ttgataacgc	tactggtaac	caaataaaaa	atcaacaagt	tattgttgat	5880
ggcaagacgt	actattttga	cgataaaggc	aatgggtgaat	acttattcac	taatacatta	5940
gatatgtcta	ctaattgcttt	ttctacccaa	aatgttgcat	tcaatcatga	cagtagcagt	6000
ttcgaccata	ctgttgatgg	cttcttgacg	gcagataact	gggtatcgacc	aaagtcaatt	6060
ttggctaacg	ggacaacttg	gcgtgattcg	actgataagg	atatgcgacc	attaatcact	6120
gtttggtggc	caaataagaa	tgttcaagtc	aactacctca	acttcatgaa	agcaaatggc	6180
ttgttgacaa	cagcagcaca	atacacacta	cattcagatc	aatatgattt	gaaccaagct	6240
gcacaagatg	ttcaagtggc	cattgaaagg	cgcattgcgt	cagagcatgg	cacagactgg	6300
ttacagaaat	tggtgtttga	atcacaaaa	aataacccat	catttgtgaa	gcaacaattc	6360
atttggaaca	aggattctga	atatcatggg	gggtgggtgatg	cttggttcca	aggtggttat	6420
ctgaagtatg	gcaataaccc	actcacacca	acaactaatt	ctgattatcg	tcaacctggt	6480
aatgcatttg	atttcttgct	agccaacgac	gtggataaatt	ctaactctgt	tgtgcaagct	6540
gaaaacttaa	actggttaca	ttacttaattg	aactttggca	ccatcactgc	gggtcaagat	6600
gacgctaatt	ttgatagtat	tcgtattgac	gctgtcgact	ttattcataa	tgatacaatc	6660

```

caacgtactt atgattatct tcgtgatgct tatcaagtgc aacaaagtga agccaaagca 6720
aaccagcaca ttctattggt tgaagctggc ttagacgcag gtacatcaac gattcataat 6780
gatgcgttaa ttgagtcaaa cctccgtgaa gcagcgacat tgcgttaac aaatgaacct 6840
ggtaaaaaata aaccattgac gaatatgcta caagacgttg acggcgggtac gcttatcacc 6900
gaccatacgc agaatagtac agaaaatcag gcgacaccaa actattcaat tattcacgcg 6960
cacgataaag gtgtgcaaga aaaagtaggt gcagccatta ctgatgctac tgggtgctgat 7020
tggacgaact ttacagatga acagttaaaa gccggattag agctattcta taaggatcag 7080
cgcgcaacaa acaaaaagta taatagttat aacataccaa gtatttatgc cctgatgttg 7140
acaacaaaag atactgttcc tcgtatgtat tatggggata tgtatcaaga tgacggacag 7200
tatatggcaa acaagagtat ctactatgat gccttagtgt cattaatgac ggctcgtaaa 7260
agctatgtca gcggtggtca aactatgagt gttgacaatc atgggtttgtt gaagagtgtc 7320
cgttttggaa aagatgcgat gacagctaata gatttaggta catcagctac gcgtactgag 7380
ggctcttggtg tcattattgg taatgatcca aagttgcaac ttaatgattc ggataaagtg 7440
acactggata tgggtgcagc acataaaaaat caaaagtatc gcgcagttat cttacaaca 7500
cgtgatggtt tggcaacctt taattc:agat caagcaccaa cagcttggaac aaacgatcaa 7560
ggaacgttaa catttccaaa tcaagagatt aacgggcaag acaatacaca aattcgtggt 7620
gttgctaact cgcaagtttc tggttatcta gctgtttggg tgcctgtggg tgcacagac 7680
aatcaagatg cccgtacagc agcaacgaca acagaaaatc atgatggtaa agtattacac 7740
tcgaatgcgg cattagattc taaccttatt tatgaagggt tctctaactt ccaacctaa 7800
gcaacaacgc atgatgaact tacgaacggt gtaattgcta aaaatgccga tgtcttcaat 7860
aattggggta ttacgagttt tgaaatggca ccacagtacc gttcaagtgg ggaccataca 7920
ttcttggtt caacgattga taatggttat gccttcactg atcgctatga cttaggtttc 7980
aatacaccaa caaagtatgg cactgatggt gatttgcgtg caacgattca agcgctacat 8040
catgctaata tgcaagttat ggctgacgtt gttgataacc aggtctataa cttacctggt 8100
aaagaagttg ttccagcaac acgagcaggt gtttatgcta atgacgacgc cacgggcttt 8160
ggaacgcaac tctatgtgac taactccgtt ggtggtgggc aataccaaga gaaatatgct 8220
ggacaatact tagaagctct gaaagcaaaag tatccagacc tctttgaggg taaggcctat 8280
gattattggt ataagaacta tgcaaatgat ggggtcaaata cttactatac attgtcacac 8340
ggtgaccgtg aatctatccc agcagatggt gctattaagc aatggtcagc taagtatatg 8400
aacggcacga acgttttggg caatggtatg gggtatgtat tgaaggattg gcataatggt 8460
caatatttca agcttgatgg tgataaatca acattacctc aaattt 8506

```

<210> 5

<211> 8931

<212> ADN

<213> Gène dsr-E

<400> 5

```

aataatctgt ctccattgct ttcaaaataa taatagttaa ttattatcat ggaacaatca 60
atatttttatt tatattcact attgaatata cttttttgca taaatctcta gagccgattt 120
tttggttat acaatgaatt ggtaaagggt aatcattttt acaaaacat ggtggtttt 180
tattttttct aaaattaccg aactagagga agagaaaagg agcaatagtt gtatgagaga 240
catgagggta atttgtgacc gtaaaaaatt gtacaaatcg ggcaaagtac tagtaacagc 300
cggtattttt gctttgatga tgtttggcgt cacaactgct agtggttagt caaatacgat 360
tgcagttgac acgaatcata gccgtacttc agcacagatt aataagagt ccttgataa 420
ggttaatgat gacaagacta ctttaggagc ggcaaaagta gtggcagtag ccacaacgcc 480
agcgacaccg gtagcagata aaacagtaag tgcacccgca gcagataagg cagtagatac 540
aacgtcatca acgacacctg caacggataa ggcagtagat acaacgccaa cgacacctgc 600
agcagataag gcagtagata caacgccaaac gacacctgca gcagataagg cagtagatac 660
aacgccaacg acacctgcag caaataaagc agtagataca acgccagcga ccgctgcaac 720
agataaggcg gtagccacgc cagccacacc tgcagcagat aagctagcaa atacgacgcc 780
tgcaacggac aaggcagtag ccacaacgcc agcgacgccg gtagcaaata aagcagcaga 840
cacgagtagt attcatgac aaccattaga tacaatgtg ccaactgata aatcagcaaa 900
cctcgtctcg acaacacaaa aaagtacgga taatcaacaa gttaagtcta cagaaacatc 960
tcatcttcaa gaaatcaacg gtaaaaccta ttttcttgac gacaatggtc aagttaaaaa 1020
gaacttcacc gctattattg acggtaaagt tctatacttt gataaaacat ccggcgaatt 1080
gaccgcaaat gcaccgcaag ttactaaggg attagtaaat attgataatg cacataacgc 1140
ggctcatgat ctacagctg ataacttcac aaatgtcgat ggttacttaa cagctaacag 1200
ttggtatcgt cctaaggaca tcttaaaaaa cggaaacgacc tggacaccaa caacagcaga 1260

```

agattttcga	ccattgctca	tgtcttggtg	gccggataag	aatacgcagg	tagcttatct	1320
acaatatatg	caatcagttg	gtatgciacc	tgacgatgtt	aaagtatcaa	atgatgataa	1380
tatgagcaca	ttgactgatg	ctgctatgac	tgttcaaaag	aatatcgaat	cgcgaaattg	1440
tgtatctgga	aaaactgatt	ggctcaagca	agatatgaac	aaactgattg	attcacaggc	1500
aaattggaat	attgatagtg	aatcaaaggg	taatgatcat	ttacaggggtg	gggcattgtt	1560
atatgtgaat	gatgacaaaa	cacctaacgc	gaactcagat	taccgtctgt	taaaccgtac	1620
accaaccaac	caaaccggcc	aaattactga	tccaagtaaa	caaggtggat	atgagatggt	1680
attagctaata	gatgttgata	attctaacc	tgttgtaaca	gctgagcaat	tgaactggct	1740
tcactacatg	atgaacattg	gtactatagc	tcagaacgac	ccaacagcta	atgttgacgg	1800
ttatcgtgtt	gatgcggttg	ataacgttga	tgccgatctc	ttacaaattg	ctgggtgatta	1860
ctttaagct	gcatacggta	ctggtaaaac	tgaggcaaac	gcaaacaatc	atatttcgat	1920
cttggaagat	tgggataata	atgattctgc	gtacattaaa	gcccacggga	ataaccaatt	1980
gacaatggat	tttcagcac	acttggtctt	gaaatacgcc	ttgaacatgc	ctcttgccgc	2040
acaaagtggc	ctagaaccgc	taattaatac	aagtcttgtt	aagcgtggga	aagatgccac	2100
agaaaatgaa	gcacaacca	actatgcctt	tatccgtgcc	catgatagtg	aagtgcagac	2160
cgttattgca	caaattatta	aggataaaat	taacacaaaa	tcagacggct	taactgtaac	2220
accagatgag	attaagcaag	ctttcactat	ttacaacgcc	gatgaattaa	aagcagataa	2280
ggaatataca	gcatacaata	ttccigcttc	ttacgctgta	ttgttgacaa	acaaggatac	2340
tgtgccacgt	gtttattatg	gtgatctatt	ttctgatgat	ggacagtata	tgtcacagaa	2400
gtcaccatac	tatgacgcca	ttacgtcact	tttgaaaagc	cgtatcaa	atgttgctgg	2460
tggcctaaag	atgaatatga	cgtacttgca	tgagtgtctt	gatccagcaa	aaaatgagac	2520
aaagccacaa	ggtgtcttaa	catcagtagc	ttacggtaaa	ggtgcgatga	cggtgacga	2580
tttgggtaat	agtgcacac	gtcaacaagg	tattggtttg	gtgattaata	ataagccatt	2640
cttgaattta	aatgatgatg	aacaaattgt	gctcaatatg	ggtgctgctc	acaaaaatca	2700
agcttaccga	ccacttatgt	tgacaacaaa	atctggtctt	caaatttacg	ataaggatgc	2760
cggagcgcca	gttgtttata	ctaacgatgc	tgggtcaactt	atttttaagt	cagatatggt	2820
ctatggtgtc	agcaatccac	aggatatctg	ttattttgct	gcatgggtac	cagtcggtgc	2880
gagtgatagt	caagatgcta	gaacacaaag	cagccagtca	gaaactaagg	atggcgatgt	2940
ctatcattca	aatgctgctc	ttgattctaa	tgtgatttat	gaaggcttct	cgaatttcca	3000
agcaatgcct	gaaaagaatg	atgacttcac	caacgtaaaa	attgctcaaa	atgctaaatt	3060
gtttaaagat	ttagggtatta	caagctttga	attagcaccg	caatatcggt	caagtacaga	3120
taatagtttt	ttggattcgg	ttatccaaaa	cggctatgcc	tttactgatc	gatatgatgt	3180
tggctataat	acgccaacaa	aatatgggtac	agttgatcaa	cttctagata	gtctaagagc	3240
attacacgca	caaggtattc	aggctattaa	tgactgggta	cctgatcaaa	tttataattt	3300
acctggcgaa	caaactcgta	ccgcagttcg	tacaaatggg	tcaggtaagt	acgattatga	3360
ttcagtgatt	aataacacgc	tctatgattc	acgaacaggt	gggggcggcg	aataccaaga	3420
aaagtttggg	ggcctgttct	tagaccaggt	gaaaaaagat	tatcctagct	tgtttgaaac	3480
taagcagata	tcaacgaatc	agccgatgaa	tccggatgtt	aaaattaaag	aatggtctgc	3540
aaagtacttt	aatggttcaa	acattcaagg	tctgtggcgt	tggtatgtac	ttaaagactg	3600
ggcaacaaat	caatatttca	atgtgtctag	tgataatgga	ttcttgccct	aacagttact	3660
gggtgaaaaa	acaagcaccg	gctttataac	agaaaaatgg	aagacttctt	tctactcaac	3720
aagtggttat	caagctaaag	atacctttat	tcaagatgga	acaaattggg	attactttga	3780
taatgcaggc	tatatgttga	caggtaaaaca	aaatatccac	gataaaaaat	attatttctt	3840
acctaattgt	gtggaacttc	aagatgctta	cctttttgat	ggtaatcaag	aatttttacta	3900
taataaagct	ggggaacaag	ttatgaacca	gtattatcaa	gatagtcaaa	atcaatggca	3960
ttatttcttt	gaaaatgggt	gcatggcaat	tggcctgaca	gaagttccga	acgctgatgg	4020
cacctatgtt	acacaatatt	ttgatgctaa	tgggtgtccaa	attaaaggca	cagctataaa	4080
agatcagaat	aatcaattac	gctattttga	tgaggccaca	ggtaatatgg	tgggttaattc	4140
atggggacag	ttagcagata	agtcttggtc	ttaccttaat	gcacaaggcg	ttgctgtgac	4200
tggtaaccaa	aaaattgatg	gtgaagagta	ctacttcaat	gctgatggta	agcaagttaa	4260
aggcaatgca	atcatcgata	ataatgggtga	tcaacgttat	tatgatgggtg	ataagggtgt	4320
catggtagtt	aattcatggg	gtgagttgcc	agatggctca	tgggttatatt	tgaatgacaa	4380
aggatttgct	gtaacaggcc	gtcaagtcac	taataatcaa	gttaatttct	ttggtaatga	4440
tggtaagcaa	atcaaagatg	cctttaaatt	ctattccgat	ggttcattggg	tgtattttga	4500
tgataagggc	ctgataacaa	ctggagccaa	agttatcaat	ggtctaaata	tgttttttga	4560
taaagacggg	catcaaatca	aagggtgatgc	cagcacggat	gccaatggta	agcgccatta	4620
ttatgacaaa	aatgatggtc	atcttgtcac	aaattcatgg	ggtgagttgc	cagatgggtc	4680
atggttatat	ctagaagaac	aagggtgatgc	tgttactggt	caacgtgtga	ttgatggcaa	4740
gacacgctat	tttgatgaag	atggcaaaaca	aattaaaaat	agcctaaaaa	cgctggccaa	4800
tggcgataag	atttatcttg	atgggtgatgg	ggttgctgca	acaggcttac	aacatgtggg	4860
cgataaaaac	atgtattttg	atgaagatgg	caaacaagtt	gttggaaggt	ttgtatcagc	4920

aaaagatggt	tcatggtatt	acttaaatca	ggatggtggt	gccgcggttg	gtccaagcag	4980
cattaatgga	caatcacttt	actttgatca	agatggtaaa	caagttaa	ataatgaagt	5040
tcgtaaatagt	gatggaacaa	ccaactatta	cacaggatta	acgggtgaaa	agttaacgca	5100
agacttcggt	gaactaccag	atggttcatg	gatttatctt	gatgcgcaag	gtcatacagt	5160
aactggtgca	caaatcatta	acgggtcaaaa	tctttacttt	aaggctgacg	gccagcaagt	5220
taaagggtcat	gcttatactg	accaatttagg	tcatatgcgt	ttttatgatc	ctgattcagg	5280
tgatatggttg	agtaatcgct	ttgaacaaat	cacacctggg	gtatgggctt	actttggtgc	5340
tgatggtgtg	gccataactg	gacaacatga	cataaatggt	cagaagctat	tctttgatga	5400
gacaggatat	caagttaaag	gttcgcaacg	tacaatagat	ggtacgttat	acagcttcga	5460
ttctcaaact	ggtaaccaa	aacgcgtaca	gacaacattg	ttgccacaag	caggtcacta	5520
tatcacgaaa	aatggtaacg	attggcagta	tgataccaat	ggtgaactag	cgaagggtct	5580
gcgtcaagat	agcaatggta	agttgcgtta	ctttgatgtt	acaaccggca	tacaagcgaa	5640
aggccaattt	gttacaattg	gccaaagaa	ttattacttt	agtaaagatc	acggggatgc	5700
gcagttattg	ccaatggtca	ctgaagggca	ttacggtaca	ataacactca	agcaagggtca	5760
agacacaaaa	acagcctggg	tttaccgtga	tcaaaataat	actattttga	agggatttga	5820
aaatatcaat	ggcagcttgc	aattctttga	tccatatata	ggtgaacaac	ttaagggtgg	5880
cgtagcaaa	tatgacgaca	agctctttta	ctttgaatca	ggtaaaggta	atcttggttag	5940
caccgtagca	ggtgactatc	aggatggtca	ttatatcttc	caagatggcc	aaacacgtta	6000
cgcagataag	caaaatcagc	ttgtaaagg	acttggtact	gttaatgggg	cattacaata	6060
ctttgataac	gctactggta	accaaataaa	aatcaacaa	gttattgttg	atggcaagac	6120
gtactatttt	gacgataaag	gcaatggtga	atacttattc	actaatacat	tagatatgtc	6180
tactaatgct	ttttctacca	aaaatggtgc	attcaatcat	gacagtagca	gtttcgacca	6240
tactggtgat	ggcttcttga	cggcagatac	ttggtatoga	ccaaagtcaa	ttttggctaa	6300
cgggacaact	tggcgtgatt	cgactgataa	ggatattgca	ccattaatca	ctggttggtg	6360
gccaaataag	aatggttcag	tcaactacct	caactctatg	aaagcaaatg	gcttggtgac	6420
aacagcagca	caatacacac	tacattcaga	tcaatatgat	ttgaaccaag	ctgcacaga	6480
tggtcaagt	gccattgaaa	ggcgcattgc	gtcagagcat	ggcacagact	ggttacagaa	6540
attggtgttt	gaatcacaaa	ataataaccc	atcatttggt	aagcaacaat	tcatttgtaa	6600
caaggattct	gaatatcatg	gtggtggtga	tgcttggttc	caagggtggt	atctgaagta	6660
tggcaataac	ccactcacac	caacaactaa	ttctgattat	cgtcaacctg	gtaatgcatt	6720
tgatttcttg	ctagccaacg	acgtggataa	ttctaatact	gttggtgcaag	ctgaaaactt	6780
aaactggtta	cattacttaa	tgaacttttg	caccatcact	gcgggtcaa	atgacgctaa	6840
ttttgatagt	attcgtattg	acgctgtcga	ctttattcat	aatgatacaa	tccaacgtac	6900
ttatgattat	cttcgtgatg	cttatcaagt	gcaacaaagt	gaagccaaag	caaaccagca	6960
caatttcattg	gttgaagctg	gcttagacgc	aggatcatca	acgattcata	atgatgcgtt	7020
aattgagtca	aacctccgtg	aagcagcgac	attgtcggtt	acaaatgaac	ctggtaaaaa	7080
taaaccattg	acgaatatgc	tacaagacgt	tgacggcggt	acgcttatca	ccgaccatac	7140
gcagaatagt	acagaaaatc	aggcgacacc	aaactattca	attattcacg	cgcacgataa	7200
agggtgtgcaa	gaaaaagtag	gtgcagccat	tactgatgct	actggtgctg	attggacgaa	7260
ctttacagat	gaacagttaa	aagccggatt	agagctattc	tataaggatc	agcgcgcaac	7320
aaacaaaaag	tataatagtt	ataacatacc	aagtatttat	gccctgatgt	tgacaaacaa	7380
agataactgtt	cctcgtatgt	attatgggga	tatgtatcaa	gatgacggac	agtatatggc	7440
aaacaagagt	atctactatg	atgccttagt	gtcattaatg	acggctcgta	aaagctatgt	7500
cagcggtggt	caaactatga	gtgttgacaa	tcatggtttg	ttgaagagtg	tccgttttgg	7560
aaaagatgcy	atgacagcta	atgatttagg	tacatcagct	acgcgtactg	agggtccttg	7620
tgtcattatt	ggtaatgatc	caaagttgca	acttaatgat	tcggataaag	tgacactgga	7680
tatgggtgca	gcacataaaa	atcaaaagta	tcgcgcagtt	atcttaacaa	cacgtgatgg	7740
tttggaaccc	tttaattcag	atcaagcacc	aacagcttgg	acaaacgatc	aagggaacgtt	7800
aacattctca	aatcaagaga	ttaacgggca	agacaataca	caaattcggt	gtgttgctaa	7860
tccgcaagtt	tctggttatc	tagctgtttg	ggtgcctgtg	ggtgcatcag	acaatcaaga	7920
tgcccgtata	gcagcaacga	caacagaaaa	tcatgatggt	aaagtattac	actcgaatgc	7980
ggcattagat	tctaaccctta	tttatgaagg	tttctctaac	ttccaaccta	aggcaacaac	8040
gcatgatgaa	cttacgaacg	ttgtaattgc	taaaaatgcc	gatgtcttca	ataattgggg	8100
tattacgagt	tttgaaatgg	caccacagta	ccgttcaagt	ggggaccata	cattcttgga	8160
ttcaacgatt	gataatggtt	atgccttcac	tgatcgctat	gacttaggtt	tcaatacacc	8220
aacaaagtat	ggcactgatg	gtgatttgcg	tgcaacgatt	caagcgctac	atcatgctaa	8280
tatgcaagtt	atggctgacg	ttgttgataa	ccaggctctat	aacttacctg	gtaaagaagt	8340
tgtttcagca	acacgagcag	gtgttttatg	taatgacgac	gccacgggct	ttggaacgca	8400
actctatgtg	actaaactccg	ttggtggtgg	tcaataccaa	gagaaatatg	ctggacaata	8460
cttagaagct	ctgaaagcaa	agtatccaga	cctctttgag	ggtaaggcct	atgattattg	8520
gtataagaac	tatgcaaatg	atgggtcaaa	tccttactat	acattgtcac	acggtgaccg	8580


```

tgaatctatc ccagcagatg ttgctattaa gcaatgggtca gctaagtata tgaacggcac 8640
gaacgttttg ggcaatggta tgggttatgt attgaaggat tggcataatg gtcaatattt 8700
caagcttgat ggtgataaat caacattacc tcaaatttaa ttatttttga tagggaacga 8760
ttatcttata aaattgtagt gacaaaagtc gcagatatatg aatccaatat ctgcgacttt 8820
tcgtctgtaa agctatgcta taataacgtt atgacaaaag aaaattattt taaagttggc 8880
acaattgtca acaccacagg tattcgtggc gaagtgaaga ttatggatat c 8931

```

<210> 6
 <211> 17
 <212> PRT
 <213> Peptides

<400> 6
 Ala Asn Trp Asn Ile Asp Ser Glu Ser Lys Gly Asn Asp His Leu Gln
 1 5 10 15

Gly

<210> 7
 <211> 24
 <212> PRT
 <213> Peptides

<400> 7
 Gly Gly Tyr Glu Met Leu Leu Ala Asn Asp Val Asp Asn Ser Asn Pro
 1 5 10 15

Val Val Gln Ala Glu Gln Leu Asn
 20

<210> 8
 <211> 21
 <212> PRT
 <213> Peptides

<400> 8
 Ala Asn Phe Asp Gly Tyr Arg Val Asp Ala Val Asp Asn Val Asp Ala
 1 5 10 15

Asp Leu Leu Gln Ile
 20

<210> 9
 <211> 12
 <212> PRT
 <213> Peptides

<400> 9
 His Ile Ser Ile Leu Glu Asp Trp Asp Asn Asn Asp
 1 5 10

<210> 10
<211> 15
<212> PRT
<213> Peptides

<400> 10
Tyr Ala Phe Ile Arg Ala His Asp Ser Glu Val Gln Thr Val Ile
1 5 10 15

<210> 11
<211> 8
<212> PRT
<213> Peptides .

<400> 11
Asp Trp Val Pro Asp Gln Ile Tyr
1 5

<210> 12
<211> 19
<212> PRT
<213> Peptides

<400> 12
Phe Ile Trp Asn Lys Asp Ser Glu Tyr His Gly Gly Gly Asp Ala Trp
1 5 10 15

Phe Gln Gly

<210> 13
<211> 24
<212> PRT
<213> Peptides

<400> 13
Asn Ala Phe Asp Phe Leu Leu Ala Asn Asp Val Asp Asn Ser Asn Pro
1 5 10 15

Val Val Gln Ala Glu Asn Leu Asn
20

<210> 14
<211> 13
<212> PRT
<213> Peptides

<400> 14
Ala Asn Phe Asp Ser Ile Arg Ile Asp Ala Val Asp Phe
1 5 10

<210> 15
<211> 8
<212> PRT
<213> Peptides

<400> 15
His Ile Ser Leu Val Glu Ala Gly
1 5

<210> 16
<211> 8
<212> PRT
<213> Peptides

<400> 16
Tyr Ser Ile Ile His Ala His Asp
1 5

<210> 17
<211> 8
<212> PRT
<213> Peptides

<400> 17
Asp Val Val Asp Asn Gln Val Tyr
1 5